

(19)



Eur päisches Patentamt
European Patent Office
Offi européen des brev ts



Veröffentlichungsnummer: **0 591 914 A2**

EUROPÄISCHE PATENTANMELDUNG

(12)

(21) Anmeldenummer: 93116058.4

(22) Anmeldetag: 05.10.93

(51) Int. Cl.⁵: C12N 7/00, C12N 15/48,
C07K 15/00, G01N 33/569,
C12Q 1/68, G01N 33/68

Der Anmelder hat nachträglich ein Sequenzprotokoll eingereicht und erklärt, dass dieses keine neuen Angaben enthält.

(30) Priorität: 06.10.92 DE 4233846
22.10.92 DE 4235718
30.12.92 DE 4244541
01.06.93 DE 4318186

(43) Veröffentlichungstag der Anmeldung:
13.04.94 Patentblatt 94/15

(54) Benannte Vertragsstaaten:
AT BE CH DE DK ES FR GB IT LI LU NL PT SE

(71) Anmelder: BEHRINGWERKE
Aktiengesellschaft
Postfach 1140
D-35001 Marburg(DE)

(72) Erfinder: Gürtler, Lutz G., Prof. Dr.
Teufelsbergstrasse 15
D-81249 München(DE)
Erfinder: Eberle, Josef, Dr.
Sonnenstrasse 7c
D-85356 Freising(DE)
Erfinder: Brunn v., Albrecht, Dr.
Schumannstrasse 17
D-86154 Augsburg(DE)
Erfinder: Knapp, Stefan, Dr.
Wehrshäuser Strasse 6
D-35041 Marburg-Wehrshausen(DE)
Erfinder: Hauser, Hans-Peter, Dr.
Wannkopfstrasse 12
D-35037 Marburg(DE)

(74) Vertreter: Keller, Günter, Dr et al
Lederer, Keller & Riederer
Patentanwälte
Prinzregentenstrasse 16
D-80538 München (DE)

(54) Retrovirus aus der HIV-Gruppe und dessen Verwendung.

(57) Offenbart wird ein neues Immunschwächevirus mit der Bezeichnung MVP-5180/91, das bei der European Collection of Animal Cell Cultures (ECACC) unter der Nr. V 920 92 318 hinterlegt wurde. Weiterhin offenbart werden die daraus erhältlichen charakteristischen Antigene, die für den Nachweis von Antikörpern gegen Retrovirus, die mit Immunschwächeerkrankungen verbunden sind, eingesetzt werden können sowie die DNS- und Aminosäuresequenz des Virus.

EP 0 591 914 A2

Die vorliegende Erfindung betrifft ein neues Retrovirus aus der HIV-Gruppe sowie Varianten oder Teile davon, welche die wesentlichen Eigenschaften des Virus enthalten. Beschrieben wird ein Verfahren zur Züchtung des Retrovirus. Die Erfindung betrifft weiterhin die Gewinnung dieses Retrovirus sowie die Verwendung des Virus, seiner Teile oder Extrakte für medizinische Zwecke, für die Diagnostik und bei der Herstellung von Impfstoffen.

Retroviren, die zur sogenannten HIV-Gruppe gehören, führen bei damit infizierten Menschen zu Krankheitserscheinungen, die unter dem Sammelbegriff Immunschwäche bzw. AIDS (Acquired Immune Deficiency Syndrome) zusammengefaßt werden.

Epidemiologische Studien belegen, daß das Humane Immunschwäche Virus (HIV) das aetiologische Agens für die überwiegende Mehrheit der AIDS (Acquired Immune Deficiency Syndrome)-Fälle darstellt. Ein 1983 aus einem Patienten isoliertes und charakterisiertes Retrovirus erhielt die Bezeichnung HIV-1 (Baré-Sinoussi, F. et al., Science 220, 868-871 [1983]). Eine Variante von HIV-1 wird in WO 88/02383 beschrieben.

Eine zweite Gruppe von Humanen Immunschwäche Viren wurde 1985 in Westafrika identifiziert (Clavel, F. et al., Science 233, 343-346 [1986]) und als Humanes Immunschwäche Virus Typ 2 (HIV-2) bezeichnet (EP-A-0 239 425). HIV-2 Retroviren unterscheiden sich deutlich von HIV-1, weisen jedoch auch eine Verwandtschaft zu Affen Immunschwäche Viren (SIV-2) auf. Wie HIV-1 führt auch HIV-2 zu einer AIDS-Symptomatik.

Eine weitere Variante eines Immunschwäche Retrovirus wird in der EP-A-0 345 375 beschrieben und dort als HIV-3 Retrovirus bezeichnet (ANT 70). Auch in Lancet Vol. 340, Sept. 1992, S. 681-682 wird die Isolierung eines weiteren, varianten Immunschwächevirus beschrieben.

Es ist ein Charakteristikum der Humanen Immunschwäche Viren, daß sie eine hohe Variabilität aufweisen, die die Vergleichbarkeit der verschiedenen Isolate deutlich kompliziert. Beim Vergleich diverser HIV-1-Isolate treten z.B. in einigen Regionen des Genoms hohe Variabilitäten auf, während andere Genombereiche vergleichsweise konserviert vorliegen (Benn, S. et al. Science 230, 949-951 [1985]). Ein wesentlich größerer Polymorphismus konnte auch für HIV-2 beobachtet werden (Clavel, F. et al., Nature 324, 691-695 [1986]). Die größte genetische Stabilität besitzen Bereiche in den gag und pol Genen, die für strukturell und enzymatisch essentielle Proteine codieren; einige Regionen im env-Gen sowie die Gene (vif, vpr, tat, rev, nef), die für regulatorische Proteine codieren, zeigen einen hohen Grad an Variabilität. Es konnte weiterhin gezeigt werden, daß Antisera gegen HIV-1 auch mit gag und pol Genprodukten von HIV-2 kreuzreagieren, obwohl nur geringe Sequenzhomologie vorlag. Ebenfalls war die Hybridisierung zwischen diesen beiden Viren wenig signifikant, wenn nicht sehr wenig stringente Konditionen verwandt wurden (Clavel, F. et al., Nature 324, 691-695 [1986]).

Aufgrund der weiten Verbreitung der Retroviren aus der HIV-Gruppe und der Tatsache, daß zwischen dem Zeitpunkt der Infektion und dem Zeitpunkt, zu dem eindeutige Symptome für pathologische Veränderungen erkennbar sind, ein Zeitraum von einigen bis vielen Jahren (2-20) liegt, ist es epidemiologisch von großer Bedeutung, die Infektion mit Retroviren der HIV-Gruppe möglichst frühzeitig und vor allem zuverlässig zu bestimmen. Dies spielt nicht nur eine Rolle bei der Diagnose von Patienten, die Zeichen von Immunschwäche aufweisen, sondern auch bei der Überprüfung von Blutspendern. Es hat sich herausgestellt, daß bei der Verwendung von Retroviren oder Bestandteilen davon des Types HIV-1 oder HIV-2 in Nachweissystemen bei manchen Seren kein oder nur ein schwacher Nachweis von Antikörpern geführt werden kann, obwohl bei den Patienten, von denen die Seren stammen, Zeichen von Immunschwäche auftreten. Mit Hilfe des erfindungsgemäßen Retrovirus aus der HIV-Gruppe ist in bestimmten Fällen ein derartiger Nachweis möglich.

Beschrieben wird die Isolation und Charakterisierung eines neuen Humanen Immunschwäche Virus, im folgenden als MVP-5180/91 bezeichnet, das aus peripheren Lymphozyten einer 1991 34-jährigen Patientin aus Kamerun isoliert wurde, die Zeichen von Immunschwäche aufwies. Geographisch stammt dieses Retrovirus aus einer Region in Afrika, die zwischen Westafrika mit endemischer HIV-2 und HIV-1 Virusinfektion und Ostzentralafrika mit fast ausschließlicher HIV-1-Verbreitung lokalisiert ist. Gegenstand der vorliegenden Erfindung ist also ein neues Retrovirus der HIV-Gruppe, welches als MVP-5180/91 bezeichnet wird und dessen Varianten sowie davon abgeleitete DNS-Sequenzen und Aminosäuresequenzen bzw. Teilssequenzen und diese enthaltende Test-Kits. Das Retrovirus MVP-5180/91 wurde bei der European Collection of Animal Cell Cultures (ECACC) unter der Nummer V 920 92 318 gemäß den Bedingungen des Budapestervertrages hinterlegt.

Ebenso wie HIV-1 und HIV-2 wächst das erfindungsgemäße MVP-5180/91 in folgenden Zelllinien HUT 78, Jurkat-Zellen, C8166-Zellen und MT-2-Zellen. Die Isolierung und Vermehrung von Viren wird in dem Buch "Viral Quantitation in HIV Infection, Editor Jean-Marie Andrieu, John Libbey Eurotext, 1991" ausfüh-

lich beschrieben. Die dort beschriebenen Arbeitsmethoden werden durch Bezugnahme zum Gegenstand der Offenbarung der vorliegenden Anmeldung gemacht.

Weiterhin besitzt das erfindungsgemäße Virus eine magnesiumabhängige Reverse Transkriptase, die aber nicht manganabhängig ist. Dies stellt eine weitere Gemeinsamkeit zu den Viren HIV-1 und HIV-2 dar.

5 Zum besseren Verständnis der Unterschiede des erfindungsgemäßen MVP-5180/91 Virus zu den Retroviren HIV-1 und HIV-2 soll zunächst kurz der Aufbau der Immunschwäche verursachenden Retroviren erläutert werden. Im Inneren des Virus befindet sich die RNA in einem kegelförmigen Core, das aus Proteinuntereinheiten zusammengesetzt ist, die die Bezeichnung p 24 (p für Protein) tragen. Dieses innere Core wird von einer Proteinhülle umgeben, die aus dem Protein p 17 aufgebaut ist (äußeres Core) und von
10 einer Glykoproteinhülle umgeben ist, die neben Lipiden, die aus der Wirtszelle stammen, das Transmembranprotein gp 41, und das Hüllprotein 120 (gp 120) enthält. Dieses gp 120 kann dann mit den CD-4-Rezeptoren der Wirtszellen eine Bindung eingehen.

Soweit bekannt, weist die RNA der HIV-Viren - vereinfacht dargestellt - folgende Genbereiche auf: An den beiden Enden sogenannte long terminal repeats (LTR), und die folgenden Genbereiche gag, pol, env und nef. Das Gen gag codiert unter anderem für die Kern(Core)-Proteine, p 24 und p 17, das Gen pol codiert u.a. für die Reverse Transkriptase, die RNase H und die Integrase und das Gen env codiert für die Glykoproteine gp 41 und gp 120 der Virushülle. Das Gen nef codiert für ein Protein mit Regulatorfunktion. Eine schematische Anordnung des Genomes von Retroviren des HIV-Typs ist in Figur 1 gezeigt.

Eine Unterscheidung zwischen den Retroviren HIV-1 und HIV-2 ist u.a. dadurch möglich, daß virales
20 Antigen ausgetestet wird mit einem monoklonalen Antikörper, der kommerziell als Testkit von Abbott (HIVAG-1 Monoclonal) erhältlich ist, und gegen das (HIV-1) p 24 gerichtet ist. Es ist bekannt, daß der Gehalt an Reverser Transkriptase in den Virustypen HIV-1 und HIV-2 etwa gleich ist. Wenn man deshalb in Verdünnungen der aufgeschlossenen Viren die Extinktion (E 490 nm), erhalten durch die Antigen-Antikörper-Reaktion, aufträgt gegen die Aktivität der Reversen Transkriptase, dann erhält man eine Graphik, die
25 etwa der Figur 2 entspricht. Hierbei stellt man fest, daß im Verhältnis zu dem Gehalt an Reverser Transkriptase bei HIV-1 eine sehr hohe Bindungsaffinität für p 24 mit dem eingesetzten monoklonalen Antikörper vorhanden ist. Für HIV-2 tritt dagegen nur eine sehr geringe Bindungsaffinität für p 24 bei Einsatz des monoklonalen Antikörpers wiederum bezogen auf den Gehalt an Reverser Transkriptase auf. Werden diese Messungen durchgeführt für MVP-5180/91, dann befindet sich die Kurve ziemlich genau in der Mitte zwischen der Kurve von HIV-1 und HIV-2, d.h. die Bindungsaffinität des monoklonalen Antikörpers
30 gegen MVP-5180/91 p 24 ist gegenüber HIV-1 reduziert. Figur 2 zeigt schematisch diesen Sachverhalt, wobei RT Reverse Transkriptase bedeutet und als Antigen (Ag) das Protein p 24 eingesetzt wird, gegen das der monoklonale Antikörper, der in dem von Abbott käuflich erwerblichen Testkit vorhanden ist, gerichtet ist.

Ein sehr vielseitig verwendbares System der Gentechnologie ist die sogenannte PCR (polymerase chain reaction) geworden, wobei die zur Durchführung des Verfahrens benötigten Komponenten käuflich
35 erworben werden können. Mit diesem Verfahren ist es möglich, DNA-Sequenzen zu amplifizieren, wenn DNA-Bereiche der zu amplifizierenden Sequenz bekannt sind. Es müssen dann kurze komplementäre DNA-Fragmente (Oligonucleotide = Primer) synthetisiert werden, die sich an einen kurzen Bereich der zu amplifizierenden Nukleinsäuresequenz anlagern. Für die Testdurchführung werden HIV-Nukleinsäuren mit
40 den Primern zusammengebracht in einer Reaktionsmischung, die zusätzlich eine Polymerase und Nukleotidtriphosphate enthält. Die Polymerisation (DNA-Synthese) wird für eine bestimmte Zeit durchgeführt und dann werden die Nukleinsäurestränge durch Erwärmen getrennt. Nach Abkühlen läuft dann die Polymerisation erneut an. Wenn es sich also bei dem erfindungsgemäßen Retrovirus um ein HIV-1 oder HIV-2 Virus handelt, dann müßte die Nukleinsäure amplifiziert werden können, indem Primer verwendet werden, die
45 konserviert sind innerhalb der bekannten Sequenzen der Viren HIV-1 und HIV-2. Derartige Primer sind zum Teil vorbeschrieben (Lauré, F. et al., Lancet ii, (1988) 538-541 für pol 3 und pol 4 bzw. Ou C.Y. et al., Science 239 (1988) 295-297 für sk 38/39, sk 68/69).

Es wurde nun herausgefunden, daß bei Verwendung von bestimmten Primerpaaren, die folgende Sequenz aufweisen:

(Seq. ID No. 1-14)

HIV-1

5

gaga: CTA CT ACT AGTAC CCTTC AGG

gagb: CGGTC TACAT AGTCT CTAAA G

10

sk38: CCACC TATCC CAGTA GGAGA A

sk39: CCTTT GGTCC TTGTC TTATG TCCAG AATGC oder

15

pol3: TGGGA AGTTC AATTA GGAAT ACCAC

pol4: CCTAC ATAGA AATCA TCCAT GTATT G

20

pol3n: TGGAT GTGGG TGATG CATA

pol4n: AGCAC ATTGT ACTGA TATCT A sowie

25

SK145: AGTGG GGGGA CATCA AGCAG CC

SK150: TGCTA TGTCA CTTCC CCTTG GT

30

145-P: CCATG CAAAT GTTAA AAGAG AC

150-P: GGCCT GGTGC AATAG GCCC

35 oder eine Kombination von pol3 und pol4 mit

40

UNI-1: GTGCT TCCAC AGGGA TGGAA

UNI-2: ATCAT CCATG TATTG ATA

(Donehower L.A. et al. (1990) J. Virol. Methods 28, 33-46)

und mit der PCR mit nested primer schwache Amplifikate der MVP-5180/91-DNA erhalten wurden.

45 Keine oder nur schwache Amplifikate im Vergleich zum HIV-1, die evtl. auf Verunreinigungen zurückzuführen sind, wurden erhalten mit folgenden Primer-Sequenzen:

50

55

(Seq. ID No. 15-34)

tat 1 AATGG AGCCA GTAGA TCCTA
 5 tat 2 TGTCT CCGCT TCTTC CTGCC

 tat 1P GAGCC CTGGA AGCAT CCAGG
 10 tat 2P GGAGA TGCCT AAGGC TTTTG

 enva: TGTTT CTTGG GTTCT TG
 15 envb: GAGTT TTCCA GAGCA ACCCC
 sk68: AGCAG CAGGA AGCAC TATGG
 sk69: GCCCC AGACT GTGAG TTGCA ACAG
 20
 5v3e: GCACA GTACA ATGTA CACAT GG
 3v3e: CAGTA GAAAA ATTCC CCTCC AC
 25 5v3degi: TCAGG ATCCA TGGGC AGTCT AGCAG AAGAA G
 3v3degi: ATGCT CGAGA ACTGC AGCAT CGATT CTGGG TCCCC TCCTG AG
 3v3longdegi: CGAGA ACTGC AGCAT CGATG CTGCT CCCAA GAACC CAAGG
 30 3v3longext: GGAGC TGCTT GATGC CCCAG A

 gagdi: TGATG ACAGC ATGTC AGGGA GT
 pol e: GCTGA CATT ATCAC AGCTG GCTAC
 35

Im Vergleich zum HIV-1 schwache Amplifikate, die jedoch die gleiche Intensität wie das verwendete HIV-2 Isolat (MVP-11871/87) aufwiesen, wurden erhalten mit

40 gag c: TATCA CCTAG AACTT TAAAT GCATG GG
 gag d: AGTCC CTGAC ATGCT GTCAT CA
 env c: GTGGA GGGGA ATTTT TCTAC TG
 45 env d: CCTGC TGCTC CCAAG AACCC AAGG.

50 Eine weitverbreitete Methode zum Nachweis von HIV-Antikörpern ist der sogenannte Western Blot (Immunoblot). Dabei werden die viralen Proteine gelelektrophoretisch aufgetrennt und dann auf eine Membran überführt. Die mit den überführten Proteinen versehenen Membranen werden dann mit Seren der zu untersuchenden Patienten in Verbindung gebracht. Sofern Antikörper gegen die viralen Proteine vorhanden sind, binden diese an die Proteine. Nach Waschen verbleiben lediglich spezifische Antikörper gegen virale Proteine. Die Antikörper werden dann mit Antiantikörpern sichtbar gemacht, die regelmäßig mit einem Enzym gekoppelt sind, das eine Farbreaktion katalysiert. Auf diese Weise können die Banden der viralen Proteine sichtbar gemacht werden.

55 Das erfindungsgemäße Virus MVP-5180/91 weist gegenüber den Viren HIV-1 und HIV-2 im Western Blot zwei signifikante wesentliche Unterschiede auf. Das HIV-1 zeigt regelmäßig eine starke Bande, die dem Protein p 24 zuzuordnen ist und eine sehr schwache, oft kaum sichtbare Bande, die dem Protein p 23 zuzuordnen ist. HIV-2 weist eine kräftige Bande auf, die dem Protein p 25 zuzuordnen ist und manchmal

ein schwache Bande, die dem Protein p 23 zuzuordnen ist. Im Unterschied dazu weist das erfindungsgemäße MVP-5180/91 Virus zwei etwa gleich starke Banden auf, die den Proteinen p 24 und p 25 entsprechen.

Ein weiterer signifikanter Unterschied besteht bei den Banden, die der Reversen Transkriptase zuzuordnen sind. HIV-1 zeigt eine Bande (p 53), die der Reversen Transkriptase entspricht und eine Bande (p 66), die der Reversen Transkriptase verbunden mit der RNase H entspricht. Bei HIV-2 entspricht die Reverse Transkriptase dem Protein p 55 und, wenn sie mit der RNase H verbunden ist, dem Protein p 68. Das erfindungsgemäße MPV-5180/91 weist dagegen eine Bande auf bei dem Protein p 48, die der Reversen Transkriptase entspricht, und eine Bande, bei dem Protein p 60, die der Reversen Transkriptase in Verbindung mit RNase H entspricht.

Aus diesen Ergebnissen kann geschlossen werden, daß die Reverse Transkriptase des MVP-5180/91 ein Molekulargewicht hat, das zwischen etwa 3 und etwa 7 Kilodalton kleiner ist als das der Reversen Transkriptase von HIV-1 bzw. HIV-2. Die Reverse Transkriptase von MPV-5180 weist also ein Molekulargewicht auf, das zwischen etwa 4.500 Dalton und etwa 5.500 Dalton kleiner ist als die Reverse Transkriptase von HIV-1 bzw. HIV-2.

Es wurde herausgefunden, daß mit Hilfe des erfindungsgemäßen Virus MVP-5180/91 anti-env-Antikörper in Seren von deutschen Patienten, die Zeichen von Immunschwäche zeigen, nur schwach nachgewiesen werden können, wobei die Seren aber stark reagieren, wenn anstelle des erfindungsgemäßen Virus ein HIV-1 Virus verwendet wird. Diese stärkere Nachweisreaktion wurde vor allem lokalisiert in dem gp 41 Protein. Bei den Versuchen wurden Serumpansets gegenübergestellt, die einmal von deutschen Patienten stammen und zum anderen von afrikanischen Patienten mit Zeichen von Immunschwäche stammen.

Die oben angegebenen Charakteristika kennzeichnen solche Virus-Varianten, die dem erfindungsgemäßen MVP-5180/91 entsprechen. Wenn also aus heparinisiertem Spenderblut, das von Personen stammt, die Immunschwächeanzeichen aufweisen und vorzugsweise aus Afrika stammen, Immunschwächeviren isoliert werden, dann kann auf diese Weise das erfindungsgemäße Virus oder Varianten davon erhalten werden.

Da das Virus isoliert wurde, welches die oben erwähnten Eigenschaften aufweist, kann die Klonierung einer cDNA auf folgendem Weg durchgeführt werden: Das Virus wird aus einer entsprechend großen Kulturmenge (etwa 1 l) präzipitiert und in phosphatgepufferter Kochsalzlösung aufgenommen. Dann erfolgt eine Pelletierung durch ein (20 %iges) Saccharose-Kissen. Das Virus pelletet kann in 6 M Guanidiniumchlorid in 20 mM Dithiothreitol und 0,5 % Nonidet P 40 suspendiert werden. CsCl wird bis auf eine Konzentration von 2 molar zugegeben und die das aufgebrochene Virus enthaltende Lösung wird auf ein Cäsiumchlorid-Kissen aufgebracht. Dann wird die virale RNA durch Zentrifugation pelletiert, gelöst, mit Phenol extrahiert und mit Ethanol und Lithiumchlorid präzipitiert. Mit Hilfe eines Oligo(dT)-Primers wird die Synthese des ersten cDNA-Stranges an der viralen RNA oder Teilen davon durchgeführt. Die Synthese unter Zugabe von Reverser Transkriptase kann durchgeführt werden unter Verwendung eines käuflich erhältlichen Kits. Für die Synthese des zweiten Stranges wird der RNA-Strang des RNA/DNA-Hybrids mit RNase H verdaut und der zweite Strang unter Einsatz von E.coli DNA Polymerase I synthetisiert. Mit Hilfe von T4 DNA Polymerase können dann stumpfe Enden erzeugt werden und diese mit geeigneten Linkern für Restriktionschnittstellen verbunden werden. Nach Restriktionsverdau mit der geeigneten Restriktionsendonuklease wird das cDNA-Fragment aus einem Agarosegel isoliert und mit einem vorher in geeigneter Weise geschnittenen Vektor ligiert. Der Vektor mit dem cDNA-Insert kann dann zur Transformation von kompetenten E.coli-Zellen verwendet werden. Die erhaltenen Kolonien werden dann auf Membranen übertragen, lysiert und denaturiert und schließlich durch Hybridisierung mit Digoxigenin oder Biotin markierter Nukleinsäure aufgefunden. Nach gentechnologischer Herstellung der entsprechenden cDNA ist eine Isolierung der gewünschten DNA-Fragmente, die aus dem Retrovirus stammen, möglich. Durch Einbau dieser Fragmente in geeignete Expressionsvektoren kann dann das gewünschte Protein bzw. Proteinfragment exprimiert werden und für die diagnostischen Tests eingesetzt werden.

Alternativ zu der angegebenen Methode kann das Immunschwächevirus mit Hilfe der PCR-Technologie kloniert werden, wobei die oben angegebenen Primer Verwendung finden können.

Zwischen verschiedenen Virusisolaten kann die Ähnlichkeit ausgedrückt werden durch den Grad der Homologie der Nucleinsäure- oder Proteinsequenzen. Eine 50 %ige Homologie bedeutet beispielsweise, daß 50 von 100 Nucleotid- oder Aminosäure-Positionen in den Sequenzen übereinstimmen. Die Homologie von Proteinen wird durch Sequenzanalyse bestimmt. Homologe DNA-Sequenzen lassen sich auch durch die Hybridisierungs-Technik ermitteln.

Erfindungsgemäß wurde zunächst ein Teil aus dem Hüllprotein sequenziert und festgestellt, daß diese Sequenz nur eine verhältnismäßig geringe Homologie zu den entsprechenden Sequenzen von Viren vom HIV-Typ aufweist. Insbesondere bezogen auf den gp 41-Bereich wurde durch einen Vergleich mit HIV-Sequenzen, der mit Hilfe von Datenbanken durchgeführt wurde, eine Homologie von höchstens 66 %

(Nucleotidsequenz) ermittelt.

Es wurde weiterhin der Bereich sequenziert, der für gp 41 kodiert. Diese Sequenz ist in Tabellen 1 bzw. 3 dargestellt.

Gegenstand der vorliegenden Erfindung sind daher solche Viren, die eine Homologie von mehr als 66 %, bevorzugt 75 % und besonders bevorzugt 85 % aufweisen zu dem erfindungsgemäßen HIV-Virus, MVP 5180/91, bezogen auf die Nucleotidsequenz der Tabelle 1 und/oder der Tabelle 3.

Weiterhin sind Gegenstand der vorliegenden Erfindung solche Viren, die eine Homologie von mehr als 66 %, bevorzugt 75 % und besonders bevorzugt 85 % aufweisen zu Partialsequenzen der in Tabelle 3 dargestellten Nucleotidsequenz, die wenigstens 50, bevorzugt 100 Nucleotide lang sind. Dies entspricht einer Länge der Peptide von wenigstens 18 und bevorzugt von wenigstens 33 Aminosäuren.

Das erfindungsgemäße Virus unterscheidet sich durch seine Sequenz von bekannten Viren. Gegenstand der vorliegenden Erfindung sind daher solche Viren sowie entsprechende DNS- bzw. Aminosäuresequenzen, die der Sequenz des erfindungsgemäßen Virus weitgehend entsprechen, wobei der Grad der Abweichung durch den Grad der Homologie festgelegt wird. Eine Homologie von beispielsweise mehr als 85 % bedeutet daher, daß solche Sequenzen umfaßt werden, die in wenigstens 85 von 100 Nucleotiden bzw. Aminosäuren dieselben Nucleotide bzw. Aminosäuren aufweisen, während der Rest unterschiedlich sein kann. Bei der Feststellung der Homologie werden die beiden Sequenzen derart gegenübergestellt, daß möglichst viele einander entsprechende Nucleotide bzw. Aminosäuren miteinander zur Deckung kommen.

Die (nahezu) vollständige Sequenz, angegeben als DNS-Sequenz des erfindungsgemäßen Virus ist in Fig. 4 wiedergegeben. Gegenstand der vorliegenden Erfindung sind dabei Viren, die die Sequenz gemäß Fig. 4 aufweisen sowie Varianten davon, die eine hohe Homologie zu der Sequenz von Fig. 4 aufweisen sowie davon abgeleitete Proteine, Polypeptide und Oligopeptide, die diagnostisch verwendbar oder als Impfstoff einsetzbar sind.

Anhand der isolierten Sequenz können Immundominante Epitope (Peptide) konfektioniert und synthetisiert werden. Da die Nucleinsäuresequenz des Virus bekannt ist, kann der Fachmann hieraus die Aminosäuresequenz ableiten. Ein Teilbereich der Aminosäuresequenz ist in Tabelle 3 angegeben. Gegenstand der vorliegenden Erfindung sind daher auch Antigene, d.h. Proteine, Oligo- oder Polypeptide, die mit Hilfe der in Figur 4 bzw. Tabelle 3 offenbarten Information hergestellt werden können. Diese Antigene, Proteine, Polypeptide und Oligopeptide weisen Aminosäuresequenzen auf, die von Figur 4 abgeleitet werden können bzw. in Tabelle 3 angegeben sind. Die Antigene bzw. Peptide können verhältnismäßig kurze Teilsequenzen einer Aminosäuresequenz aufweisen, die in Tabelle 3 wiedergegeben ist oder aus Figur 4 abgeleitet werden kann. Diese Aminosäuresequenz ist wenigstens 6 Aminosäuren, bevorzugt wenigstens 10 und besonders bevorzugt wenigstens 15 Aminosäuren lang. Hergestellt werden können diese Peptide nicht nur mit Hilfe der rekombinanten Technologie sondern auch durch synthetische Methoden. Ein geeigneter Herstellungsweg ist die Festphasensynthese vom Merrifield-Typ. Eine weitere Beschreibung dieser Technik und anderer im Stand der Technik bekannter Verfahren kann in der Literatur gefunden werden, z.B. M. Bodansky, et al., Peptide Synthesis, John Wiley & Sons, 2nd Edition 1976.

Bei den diagnostischen Tests wird eine Serumprobe der zu untersuchenden Person zusammengebracht mit den Proteinketten von einem oder mehreren Proteinen oder Glykoproteinen (die in eukaryontischen Zelllinien exprimiert werden können) oder Teilen davon, die von MVP-5180/91 stammen. Bevorzugte Testverfahren schließen die Immunfluoreszenz oder immunenzymatische Testverfahren (z.B. Elisa, Immunoblot) ein.

Bei den immunenzymatischen Tests (ELISA) kann beispielsweise Antigen, das von MVP-5180/91 oder einer Variante davon stammt, an den Wänden von Mikrotiterplatten gebunden werden. Die dabei verwendete Dosierung hängt von dem Testsystem und der Behandlung der Mikrotiterplatten wesentlich ab. Dann wird Serum bzw. Serumverdünnungen, die von der zu untersuchenden Person stammen, in die Löcher der Mikrotiterplatten gegeben. Nach einer bestimmten Inkubationszeit wird die Platte gewaschen und spezifische Immunkomplexe werden nachgewiesen durch Antikörper, die spezifisch an menschliche Immunglobuline binden und die vorher mit einem Enzym, beispielsweise Meerrettichperoxidase, alkalischer Phosphatase usw. verbunden wurden oder mit enzymmarkiertem Antigen. Diese Enzyme können ein farbloses Substrat in ein stark gefärbtes Produkt umwandeln und an der Stärke der Färbung kann dann das Vorhandensein von spezifischen Anti-HIV-Antikörpern abgelesen werden. Eine weitere Möglichkeit der Verwendung des erfindungsgemäßen Virus in Testsystemen ist die Verwendung in Western Blots.

Auch wenn die Herstellung von Impfstoffen gegen Immunschwächeerkrankungen sich als äußerst schwierig erweist, kann doch auch dieses Virus bzw. Teile davon, d.h. immundominante Epitope und Induktoren der zellulären Immunität, oder gentechnologisch hergestellte Antigene zur Entwicklung und Herstellung von Impfstoffen verwendet werden.

B Beispiel 1

Das erfindungsgemäße Immunschwäche-Virus MVP-5180/91 wurde aus dem Blut einer Patientin mit Zeichen von Immunschwäche isoliert. Hierzu wurden periphere mononukleäre Zellen (peripheral blood lymphocytes, PBL) und periphere Lymphozyten aus dem Blut (PBL) eines nicht HIV-infizierten Spenders mit Phytohämagglutinin stimuliert und in Kultur gehalten. Verwendet wurde hierzu das übliche Medium RPMI 1640 mit 10 % fötalem Kälberserum. Die Kulturbedingungen sind beschrieben in Landay A. et al., J. Inf. Dis., 161 (1990) S. 706-710. Beobachtet wurde dann die Bildung von Riesenzellen unter dem Mikroskop. Die Produktion von HIV-Viren wurde über die Bestimmung des p 24-Antigens mit Hilfe des käuflich erwerbten Tests von Abbott bestimmt. Ein weiterer Test zur Bestimmung des Wachstums der Viren war der Test unter Verwendung von partikelgebundener Reverser Transkriptase (Eberle J., Seibl R., J. Virol. Methods 40, 1992, S. 347-358). Das Wachstum der Viren wurde also anhand der enzymatischen Aktivitäten im Kulturüberstand ein- bis zweimal pro Woche bestimmt, um die Virusproduktion zu überwachen. Wöchentlich einmal wurden neue Spenderlymphozyten zugegeben.

Nachdem eine HIV-Virenvermehrung festgestellt werden konnte, wurden frische periphere Lymphozyten aus dem Blut (PBL) nicht HIV-infizierter, gesunder Spender mit dem Überstand der ersten Kultur infiziert. Dieser Schritt wurde wiederholt und dann wurden mit dem Überstand H 9 bzw. HUT 78 Zellen infiziert. Auf diese Weise war eine permanente Produktion des Immunschwäche-Virus möglich. Das Virus wurde bei der ECACC unter der Nr. V 920 92 318 hinterlegt.

Beispiel 2

Zum Nachweis von HIV-Infektionen ist derzeit der sogenannte Western Blot oder Immunoblot ein Standardverfahren. Gemäß der in J. Virol. Meth. 15 (1987) S. 11-23 von Gürtler et al. beschriebenen Vorgehensweise wurden verschiedene Seren untersucht. Hierbei wurden Seren von deutschen Patienten solchen Seren gegenübergestellt, die von afrikanischen Patienten erhalten wurden. Es wurden hierbei folgende Ergebnisse erhalten:

Virustyp	deutsche Seren	afrikanische Seren
HIV-1, Virus isoliert von deutschem Patienten MVP-5180/91	starke Reaktion	starke Reaktion mit gp 41
	keine bis schwache Reaktion mit gp 41	starke Reaktion

Die oben dargestellten Ergebnisse zeigen, daß ein aus deutschen Patienten isoliertes Virus vom HIV-1 Typ, wenn es zum Nachweis von HIV-Infektionen verwendet wird, möglicherweise keine eindeutigen Ergebnisse liefert, wenn der Patient infiziert wurde mit einem Virus, das dem erfindungsgemäßen MVP-5180/91 entspricht. Es wird dabei davon ausgegangen, daß mit Hilfe des erfindungsgemäßen Virus solche Viren nachgewiesen werden können, die wenigstens etwa 85 % Homologie, bezogen auf das Gesamtgenom, zu dem erfindungsgemäßen Virus aufweisen.

Beispiel 3

Gemäß der in Beispiel 2 angegebenen Vorgehensweise wurden weitere Western Blots durchgeführt. Die Ergebnisse sind in der anliegenden Figur 3 dargestellt. Bei diesem Test wurde einmal das virale Protein des erfindungsgemäßen Immunschwäche-Virus MVP-5180/91 und einmal das virale Protein eines HIV-1-Typ Virus (MVP-899) gelelektrophoretisch aufgetrennt und dann auf Zellulosefilter transferiert. Diese Filterstreifen wurden mit den Seren von verschiedenen Patienten inkubiert und dann wurden die spezifischen Antikörper durch eine Farbreaktion sichtbar gemacht. Die linke Hälfte der Figur mit der Überschrift MVP-5180 zeigt das erfindungsgemäße Immunschwäche-Virus. Die rechte Hälfte der Figur zeigt ein aus deutschem Spender isoliertes Virus (MVP-899), bei dem es sich um ein HIV-1-Virus handelt.

Die einzelnen Filterstreifen wurden nun mit den Seren von verschiedenen Patienten inkubiert. Betrachtet man die Figur 3, so wurden jeweils dieselben Seren (von deutschen Patienten) umgesetzt mit je zwei Filterstreifen, wobei die Nummern 8 und 26; 9 und 27; 10 und 28; 11 und 29; 12 und 30; 13 und 31; 14 und 32; 15 und 33 sowie 16 und 34 die gleichen Seren bezeichnen. Bei den Western Blots mit den Nummern 17 und 18 wurden Seren von afrikanischen Patienten eingesetzt. Die Zahlen an den rechten Seitenrändern geben die annähernden Molekulargewichte in Tausend (KD) an.

Die Figur 3 zeigt deutlich, daß Seren von deutschen Patienten mit dem erfindungsgemäßen Immunschwäche-Virus im Western Blot mit dem gp 41 nur sehr schwach reagieren. Seren von afrikanischen Patienten dagegen reagieren mit dem erfindungsgemäßen Immunschwäche-Virus sehr stark. Figur 3 macht daher deutlich, daß unter Verwendung des erfindungsgemäßen Immunschwäche-Virus solche Immunschwäche-Infektionen nachgewiesen werden können, die bei Verwendung eines HIV-1 oder HIV-2-Virus nur fragliche, also nicht eindeutig positive Ergebnisse liefern. Diese Nachweismöglichkeit kann weitreichende diagnostische Bedeutung haben, da in den Fällen, in denen nur fragliche Ergebnisse im Western Blot erzielt werden, nicht mit eindeutiger Sicherheit festgestellt werden kann, ob es sich um eine Infektion mit einem Immunschwäche-Virus handelt. Wenn aber mit Hilfe des erfindungsgemäßen Immunschwäche-Virus derartige fragliche Ergebnisse einer Infektion mit einem Virus des erfindungsgemäßen Typs zugeordnet werden können, dann stellt dies einen erheblichen diagnostischen Fortschritt dar.

Beispiel 4

15 DNA-Isolierung, Amplifizierung und strukturelle Charakterisierung von Genomabschnitten des HIV-Isolates MVP-5180/91

Genomische DNA aus MVP-5180/91-infizierten HUT 78-Zellen wurden nach Standardmethoden isoliert.

Zur Charakterisierung von Genombereichen des Isolates MVP-5180/91 wurden PCR (Polymerase Chain Reaction)-Experimente mit einem Primerpaar aus dem Hüllproteinbereich gp 41 durchgeführt. Die Durchführung der PCR-Experimente erfolgte nach der Methode von Saiki et al. (Saiki et al., Science 239: 487-491, 1988) mit folgenden Modifikationen: Für die Amplifikation HIV-spezifischer DNA-Bereiche wurden 5 µl genomische DNA aus MVP-5180/91 infizierten HUT 78-Zellen in einem 100 µl Reaktionsansatz (0,25 mM dNTP, je 1 µM Primer 1 und Primer 2, 10 mM Tris HCl pH 8,3, 50 mM KCl, 1,5 mM MgCl₂, 0,001 % Gelatine, 2,5 units Taq Polymerase (Perkin Elmer) pipettiert und nach folgendem Temperatur-Programm amplifiziert: 1. Initiale Denaturierung: 3' 95°C, 2. Amplifikation: 90" 94°C, 60" 56°C, 90" 72°C (30 Cycles).

Die für die PCR und die Nucleotidsequenzierung verwendeten Primer wurden auf dem Oligonucleotidsynthesizer 8750 der Firma Biosearch synthetisiert (Seq. ID No. 35 + 36).

30

Primer 1: AGC AGC AGG AAG CAC TAT GG (Koordinaten aus HIV 1

Isolat HXB2: Base 7795-7814, entspricht Primer sk 68)

35 Primer 2: GAG TTT TCC AGA GCA ACC CC (Koordinaten aus HIV 1

Isolat HXB2: Base 8003-8022, entspricht Primer env b)).

Die amplifizierte DNA wurde über ein 3 % "Nusieve"-Agarosegel (Fa. Biozyme) aufgetrennt, das amplifizierte Fragment ausgeschnitten und mit dem gleichen Volumen an Puffer (1xTBE (0,09 M TrisBorat, 0,002 M EDTA pH8,0) versetzt. Nach Inkubation des DNA-Agarosegemisches für 10 Minuten bei 70°C und nachfolgender Phenolextraktion wurde die DNA aus der wässrigen Phase durch Zugabe von 1/10 Vol 3M NaAc pH 5,5 und 2 Vol Ethanol bei -20°C 15' gefällt und anschließend in einer Zentrifuge (Eppendorf) pelletiert (13000 rpm, 10', 4°C). Die pelletierte DNA wurde getrocknet, in Wasser aufgenommen und nach der photometrischen Bestimmung der DNA-Konzentration bei 260 nm im Spektralphotometer (Beckman) nach der Methode von Sanger (F. Sanger, Proc. Natl. Acad. Sci., 74: 5463, 1977) sequenziert. Anstelle der Sequenzierung mit Klenow DNA Polymerase, wurde die Sequenzierungsreaktion mit einem Kit von Applied Biosystems ("Taq Dye Deoxy Terminator Cycle Sequencing", Best.-Nr.: 401150) durchgeführt. Als Primer wurden in getrennten Sequenzierungsreaktionen Primer 1 oder Primer 2 (jeweils 1 µM) eingesetzt. Die Analyse der Sequenzierungsreaktion erfolgte auf dem DNA-Sequenziergerät 373A (Applied Biosystems) nach den Vorgaben des Geräteherstellers.

Die Nucleotidsequenz des amplifizierten DNA-Bereichs und die davon abgeleitete Aminosäuresequenz ist in der Tabelle 1 dargestellt (Seq. ID No. 37-39).

55

Tabelle 1:

```

5  GCGCAGCGGCAACAGCGCTGACGGTACGGACCCACAGTGTACTGAAGGGTATAGTGCAAC
   -----+-----+-----+-----+-----+-----+
   CGCGTCGCCGTTGTTCGCGACTGCCATGCCTGGGTGTCACATGACTTCCCATATCACGTTG

   A A A T A L T V R T H S V L K G I V Q Q

10 AGCAGGACAACCTGCTGAGAGCGATACAGGCCAGCAACACTTGCTGAGGTTATCTGTAT
   -----+-----+-----+-----+-----+-----+
   TCGTCCTGTTGGACGACTCTCGCTATGTCCGGGTCGTTGTGAACGACTCCAATAGACATA

   Q D N L L R A I Q A Q Q H L L R L S V W

15 GGGGTATTAGACAACCTCCGAGCTCGCCTGCAAGCCTTAGAAACCCTTATACAGAATCAGC
   -----+-----+-----+-----+-----+-----+
   CCCCATAACTCTGTTGAGGCTCGAGCGGACGTTCCGAATCTTTGGGAATATGTCTTAGTCG

20 G I R Q L R A R L Q A L E T L I Q N Q Q

   AACGCCTAAACCTAT
   -----+----- 195
25 TTGCGGATTGATA

   R L N L -

```

30 Beispiel 5

Die gefundene Nucleotidsequenz aus Tabelle 1 wurde auf homologe Sequenzen in der GENE BANK-Datenbank (Release 72, Juni 1992) mit Hilfe des GCG-Computerprogramms (Genetic Computer Group, Inc., Wisconsin USA, Version 7.1, März 1992) untersucht. In dieser Datenbank sind die meisten der bis Juli 1992 bekannten Nucleotidsequenzen von Immundefizienzviren humanen Ursprungs und von Isolaten aus Primaten enthalten.

Die Nucleotidsequenz aus Tabelle 1 weist im besten Fall eine 66 %ige Homologie zu einem Schimpansen-Isolat auf. Zu HIV 1-Isolaten ist MVP 5180/91 in der untersuchten DNA-Sequenz im besten Fall zu 64 % homolog. Zu HIV 2-Isolaten ist die DNA aus Tabelle 1 zu 58 % homolog. Außer der Sequenz des Schimpansenisolates besteht die beste Homologie zwischen der Nucleotidsequenz aus Tabelle 1 und DNA-Abschnitten aus Primatenisolaten (SIV: Simian Immunodeficiency Virus) in einer DNA-Sequenz, die für einen Teilbereich des Hüllproteins des Isolates SIV (Afrikanische Meerkatze) TYO-1 kodiert. Die Homologie beträgt 61,5 %.

45 Beispiel 6

Die gefundene Aminosäuresequenz aus Tabelle 1 wurde auf homologe Sequenzen in der SWISSPROT Protein-Datenbank (Release 22, Juni 1992) mit Hilfe des GCG-Computerprogramms untersucht. In dieser Datenbank sind die meisten der bis Juni 1992 bekannten Proteinsequenzen von Immundefizienz-Viren humanen Ursprungs und von Isolaten aus Primaten enthalten.

Die Aminosäuresequenz aus Tabelle 1 ist im besten Fall mit 62,5 % zu einem Hüllproteinabschnitt des oben genannten Schimpansenisolates homolog. Unter HIV 1-Hüllproteinen findet man die beste Homologie mit der Aminosäuresequenz aus Tabelle 1, in dem Isolat HIV 1 Mal. Die Homologie beträgt 59 %. Zu HIV 2-Hüllproteinen beträgt die Homologie mit der Aminosäuresequenz aus Tabelle 1 im besten Fall 52 % (Isolat HIV 2 Rod). Da auch HIV 1 und HIV 2-Isolate im besten Fall im korrespondierenden Proteinabschnitt nur zu 64 % identisch sind, scheint es sich bei dem Isolat MVP-5180/91 um eine HIV-Variante zu handeln, die sich deutlich von HIV 1 und von HIV 2 strukturell abgrenzt und somit einen Vertreter einer davon unabhängigen Gruppe von HIV-Viren repräsentiert.

Die Aminosäuresequenz des amplifizierten DNA-Bereiches (Tabelle 1) des HIV-Isolates MVP 5180/91 überlappt mit einem immundiagnostisch wichtigen Bereich aus dem Hüllprotein gp 41 von HIV 1 (Aminosäure 584-618) (Tabelle 2) (Gnann et al., J. Inf. Dis. 156: 261-267, 1987; Norrby et al., Nature, 329: 248-250, 1987).

5 Korrespondierende Aminosäurebereiche aus den Hüllproteinen von HIV 2 und SIV sind ebenfalls immundiagnostisch konserviert (Gnann et al., Science, S. 1346-1349, 1987). So werden Peptide aus diesem Hüllproteinbereich von HIV 1 und HIV 2 in vielen kommerziell erhältlichen HIV 1/2 Antikörper-Screeningtests als Festphasenantigene eingesetzt. Ungefähr 98 % der anti HIV 1 und anti HIV 2 positiven Seren können damit erfaßt werden.

10 Der Aminosäurebereich des MVP-5180/91-Hüllproteins (Tabelle 1) könnte aufgrund der Überlappung mit dem immundiagnostisch wichtigen Bereich aus gp 41 serodiagnostisch von Bedeutung sein. Dies wäre insbesondere dann der Fall, wenn Antiseren von HIV-infizierten Patienten mit keinem der kommerziell erhältlichen Antikörper-Screeningtests positiv reagieren würden. In diesen Fällen könnte eine Infektion mit einem MVP-5180/91 eng verwandten Virus vorliegen.

Tabelle 2:

.....RILAVERYLKDQQLLGIWGC SGKLICTTAVPWNAS
 | : | : | . : : | | | :
 WGI RQLRRLQALET LIONQQRLNL.....

25 Beispiel 7

DNA Isolierung, Amplifizierung und strukturelle Charakterisierung von Genomabschnitten des HIV Isolates MVP-5180/91 (kodierend für gp 41)

30 Genomische DNA aus MVP-5180/91-infizierten HUT78-Zellen wurden wie beschrieben isoliert.

Zur Charakterisierung von Genombereichen des Isolates MVP-5180/91 wurden PCR (Polymerase Chain Reaction)-Experimente mit Primerpaaren aus dem Hüllproteinbereich gp 41 durchgeführt. Die PCR (Saiki et al., Science 239: 487-491, 1988) und inverse PCR (Triglla et al., Nucl. Acids, Res. 16: 8186, 1988) wurden mit folgenden Modifikationen durchgeführt:

35 1. PCR

Für die Amplifikation HIV-spezifischer DNA Bereiche wurden 5 µl (218 µg/ml) genomische DNA aus MVP-5180/91 infizierten HUT78 Zellen in einem 100 µl Reaktionsansatz (0,25 mM dNTP, je 1 µM Primer 40 163env und Primer envend, 10 mM Tris HCl pH 8.3, 50 mM KCl, 1.5 mM MgCl₂, 0,001 % Gelatine, 2,5 units Taq Polymerase (Perkin Elmer)) pipettiert und nach folgendem Temperaturprogramm amplifiziert: 1. Initiale Denaturierung: 3 min. 95°C, 2. Amplifikation: 90 sec. 94°C, 60 sec. 56°C, 90 sec. 72°C (30 Cycles).

45 2. Inverse PCR

Der 5' Bereich von gp 41 (N-Terminus) und die 3' Sequenz von gp 120 wurden mittels "inverser PCR" amplifiziert. Hierzu wurden 100 µl einer genomischen DNA Präparation (218 µg/ml) aus MVP-5180/91-infizierten HUT78-Zellen in einem Endvolumen von 200 µl mit 10 units der Restriktionsendonuklease Sau3a 50 1 Stunde bei 37°C verdaut. Die DNA wurde anschließend phenolisiert und mit Natriumazetat (Endkonzentration 300 mM) und 2.5 Volumen Ethanol 10 min bei -70°C gefällt, in der Eppendorfzentrifuge abzentrifugiert und das Pellet getrocknet und in 890 µl Aqua dest. resuspendiert. Nach Zugabe von 100 µl Ligasepuffer (50 mM Tris HCl, pH 7.8, 10 mM MgCl₂, 10 mM DTT, 1 mM ATP, 25 µg/ml Rinderserumalbumin) und 10 µl T4 DNA-Ligase (Fa. Boehringer, Mannheim) wurden die DNA-Fragmente 3 Stunden bei 55 Raumtemperatur ligiert, erneut phenolisiert und mit Natriumazetat und Ethanol wie oben gefällt. Nach dem Abzentrifugieren und Trocknen wurde die DNA in 40 µl Aqua dest. resuspendiert und mit 10 units der Restriktionsendonuklease SacI (Fa. Boehringer, Mannheim) für 1 Stunde verdaut. Anschließend wurden 5 µl dieses Ansatzes in einem PCR-Experiment wie unter "1. PCR" dargestellt, eingesetzt. Anstelle der Primer

163env und envend wurden für die inverse PCR die Primer 168i und 169i verwendet.

Die Primer 163env, 168i und 169i wurden aus der bereits ermittelten Teilsequenz des HIV-Isolates MVP-5180 ausgewählt (Beispiel 4).

Die für die PCR/inverse PCR und die Nucleotidsequenzierung verwendeten Primer wurden auf dem Oligonucleotidsynthesizer 8750 der Firma Biosearch synthetisiert, wobei die Primer folgende Sequenzen aufwiesen (Sequ. ID No. 40-43):

Primer 163env: 5' CAG AAT CAG CAA CGC CTA AAC C 3'

10 Primer envend: 5' GCC CTG TCT TAT TCT TCT AGG 3'
(Position aus HIV 1 Isolat BH10:
Base 8129-8109)

Primer 168i: 5' GCC TGC AAG CCT TAG AAA CC 3'

15 Primer 169i: 5' GCA CTA TAC CCT TCA GTA CAC TG 3'

Die amplifizierte DNA wurde über ein 3 % "Nusieve"-Agarosegel (Fa. Biozyme) aufgetrennt, das amplifizierte Fragment ausgeschnitten und mit dem gleichen Volumen an Puffer (1xTBE (0.09 M-TrisBorat, 0.002 M EDTA, pH 8.0)) versetzt. Nach Inkubation des DNA-Agarosegemisches für 10 Minuten bei 70°C und nachfolgender Phenolextraktion wurde die DNA aus der wässrigen Phase durch Zugabe von 1/10 Vol 3M NaAc, pH 5.5 und 2 Vol Ethanol bei -20°C 15' gefällt und anschließend in einer Eppendorffzentrifuge pelletiert (13000rpm, 10', 4°C). Die pelletierte DNA wurde getrocknet, in Wasser aufgenommen und nach der photometrischen Bestimmung der DNA-Konzentration bei 260nm im Spektralphotometer (Fa. Beckman) nach der Methode von Sanger (F. Sanger, Proc. Natl. Acad. Sci., 74:5463, 1977) sequenziert. Anstelle der Sequenzierung mit Klenow DNA Polymerase wurde die Sequenzierungsreaktion mit einem Kit der Fa. Applied Biosystems ("Taq Dye Deoxy Terminator Cycle Sequencing", Best. Nr.: 401150) durchgeführt. Als Primer wurden in getrennten Sequenzierungsreaktionen Primer 163env oder Primer envend (jeweils 1µM) eingesetzt. Die amplifizierte DNA aus dem inversen PCR-Experiment wurde mit den Primern 168i und 169i sequenziert. Die Analyse der Sequenzierungsreaktion erfolgte auf dem DNA-Sequenziergerät 373A (Applied Biosystems) nach den Vorgaben des Geräteherstellers.

Die Nucleotidsequenz des amplifizierten DNA-Bereichs und die davon abgeleitete Aminosäuresequenz sind in der Tabelle 3 dargestellt (Sequ. ID No. 44-46).

Tabelle 3

5	1	AAATGTCAAGACCAATAATAAACATTACACCCCTCACAGGGAAAAAGAGCAGTAGGAT	60
		TTTACAGTTCTGGTTATTATTTGTAAGTGTGGGGAGTGTCCCTTTTTCTCGTCATCCTA	
		M S R P I I N I H T P H R E K R A V G L	
		gp120 ← → gp41	
10	61	TGGGAATGCTATTCTTGGGGGTGCTAAGTGCAGCAGGTAGCACTATGGGCGCAGCGGCAA	120
		ACCCCTTACGATAAGAACCCCCACGATTACGTCGTCCATCGTGATACCCGCGTCGCCGTT	
		G M L F L G V L S A A G S T M G A A A T	
15	121	CAGCGCTGACGGTACGGACCCACAGTGTACTGAAGGGTATAGTGCAACAGCAGGACAACC	180
		GTCGCGACTGCCATGCCTGGGTGTCACATGACTTCCCATATCACGTTGTCGTCCTGTTGG	
		A L T V R T H S V L K G I V Q Q Q D N L	
20	181	TGCTGAGAGCGATACAGGCCAGCAACACTTGCTGAGGTTATCTGTATGGGGTATTAGAC	240
		ACGACTCTCGCTATGTCCGGGTCGTTGTGAACGACTCCAATAGACATACCCCATAACTCTG	
		L R A I Q A Q Q H L L R L S V W G I R Q	
25	241	AACTCCGAGCTCGCCTGCAAGCCTTAGAAACCCTTATACAGAATCAGCAACGCCTAAACC	300
		TTGAGGCTCGAGCGGACGTTCCGAATCTTTGGGAATATGTCTTAGTCGTTGCGGATTGG	
		L R A R L Q A L E T L I Q N Q Q R L N L	
30	301	TATGGGGCTGTAAAGGAAAACTAATCTGTTACACATCAGTAAATGGAACACATCATGGT	360
		ATACCCCGACATTTCCCTTTTGATTAGACAATGTGTAGTCATTTTACCTTGTGTAGTACCA	
		W G C K G K L I C Y T S V K W N T S W S	
35	361	CAGGAGGATATAATGATGACAGTATTTGGGACAACCTTACATGGCAGCAATGGGACCAAC	420
		GTCCTCCTATATTACTACTGTCATAAACCTGTTGGAATGTACCGTCGTTACCTTGGTTG	
		G G Y N D D S I W D N L T W Q Q W D Q H	
40	421	ACATAAACAATGTAAGCTCCATTATATATGATGAAATACAAGCAGCACAAGACCAACAGG	480
		TGTATTTGTTACATTCGAGGTAATATATACTACTTTATGTTTCGTCGTGTTCTGGTTGTCC	
45		I N N V S S I I Y D E I Q A A Q D Q Q E	
50			
55			

481 AAAAGAATGTAAGCATGTTGGAGCTAGATGAATGGGCCTCTCTTTGGAATTGGTTTG 540

 TTTTCTTACATTTTCGTAACAACCTCGATCTACTTACCCGGAGAGAAACCTTAACCAAAC
 5 K N V K A L L E L D E W A S L W N W F D
 ACATAACTAAATGGTTGTGGTATATAAAAATAGCTATAATCATAGTGGGAGCACTAATAG 541 600

 TGTATTGATTTACCAACACCATATATTTTATCGATATTAGTATCACCCCTCGTGATTATC
 10 I T K W L W Y I K I A I I I V G A L I G
 GTATAAGAGTTATCATGATAGTACTTAATCTAGTGAAGAACATTAGGCAGGGATATCAAC 601 660

 CATATTCTCAATAGTACTATCATGAATTAGATCACTTCTTGAATCCGTCCCTATAGTTG
 15 I R V I M I V L N L V K N I R Q G Y Q P
 CCCTCTCGTTGCAGATCCCTGTCCACACCGGCAGGAAGCAGAAACGCCAGGAAGAACAG 561 720

 GGGAGAGCAACGCTAGGGACAGGGTGTGGCCGCTCTTCGTCTTTGCGGTCTTCTTGTC
 20 L S L Q I P V P H R Q E A E T P G R T G
 GAGAAGAAGGTGGAGAAGGAGACAGGCCCAAGTGGACAGCCTTGCCACCAGGATTCTTGC 721 780

 CTCTTCTCCACCTCTTCTGTCCGGGTTACCTGTGCGAACGGTGGTCCTAAGAACG
 25 E E G G E G D R P K W T A L P P G F L Q
 AACAGTTGTACACGGATCTCAGGACAATAATCTTGTGGACTTACCACCTCTTGAGCAACT 781 840

 TTGTCAACATGTGCCTAGAGTCTGTATTAGAACACCTGAATGGTGGAGAACTCGTTGA
 30 Q L Y T D L R T I I L W T Y H L L S N L
 TAATATCAGGGATCCGGAGGCTGATCGACTACCTGGGACTGGGACTGTGGATCCTGGGAC 841 900

 ATTATAGTCCCTAGGCCTCCGACTAGCTGATGGACCCTGACCCTGACACCTAGGACCCTG
 35 I S G I R R L I D Y L G L G L W I L G Q
 AAAAGACAATTGAAGCTTGTAGACTTTGTGGAGCTGTAATGCAATATTGGCTACAAGAAT 901 960

 TTTTCTGTAACTTCGAACATCTGAAACACCTCGACATTACGTTATAACCGATGTTCTTA
 40 K T I E A C R L C G A V M Q Y W L Q E L
 TGAAAAATAGTGCTACAAACCTGCTTGATACTATTGCAGTGTGAGTTGCCAATTGGACTG 961 1020

 ACTTTTATCAGGATGTTTGGACGAACCTATGATAACGTCACAGTCAACGGTTAACCTGAC
 45 K N S A T N L L D T I A V S V A N W T D
 50
 1021 ACGGCATCATCTTAGGTCTACAAAGAATAGGACAAGG 1057

 TGCCGTAGTAGAATCCAGATGTTTCTTATCCTGTTCC
 55 G I I L G L Q R I G Q

B Beispiel 8

Die gefundene Nucleotidsequenz aus Tabelle 3 wurde auf homologe Sequenzen in der GENE BANK-Datenbank (Release 72, Juni 1992) mit Hilfe des GCG-Computerprogramms (Genetic Computer Group, Inc. Wisconsin USA, Version 7.1, März 1992) untersucht. In dieser Datenbank sind die meisten der bis Juli 1992 bekannten Nucleotidsequenzen von Immundefizienzviren humanen Ursprungs und von Isolaten aus Primaten enthalten.

Die Nucleotidsequenz aus Tabelle 3 weist im besten Fall eine 62 %ige Homologie zu einem HIV 1-Isolat auf. Zu HIV 2 Isolaten ist die DNA aus Tabelle 5 zu 50 % homolog.

Die aus der Nucleotidsequenz aus Tabelle 3 abgeleitete Aminosäuresequenz wurde auf homologe Sequenzen in der SWISSPROT Protein-Datenbank (Release 22, Juni 1992) mit Hilfe des GCG-Computerprogramms untersucht. In dieser Datenbank sind die meisten der bis Juni 1992 bekannten Proteinsequenzen von Immundefizienzviren humanen Ursprungs und von Isolaten aus Primaten enthalten.

Die Aminosäuresequenz aus Tabelle 3 ist im besten Fall mit 54 % zu dem korrespondierenden Hüllproteinabschnitt eines Schimpansen-Isolates CIV (SIVcpz) homolog und zu 54,5 % zu dem HIV 1-Isolat Mal. Zu HIV 2-Hüllproteinen beträgt die Homologie mit der Aminosäuresequenz aus Tabelle 3 im besten Fall 34 % (Isolat HIV 2 D194).

Vergleicht man demgegenüber die gp 41-Aminosäuresequenz von HIV 1 mit den in der SWISSPROT-Datenbank vorhandenen HIV 1 gp 41-Sequenz, ergeben sich wie erwartet im besten Fall eine fast 100 %ige Homologie und im schlechtesten Fall eine 78 %ige Homologie.

Aufgrund dieser deutlichen strukturellen Unterschiede zwischen dem Sequenzbereich aus Tabelle 3 und dem korrespondierenden Abschnitt aus HIV 1 und HIV 2 scheint es sich bei dem Isolat MVP-5180/91 um eine HIV-Variante zu handeln, die sich von HIV 1 und HIV 2 deutlich strukturell abgrenzt. Möglicherweise ist MVP-5180/91 einer eigenen, von HIV 1 und HIV 2 sich abgrenzenden Gruppe von HIV-Viren zuzuordnen.

Das Peptid von Aminosäure 584-618 des HIV 1-Hüllproteinbereichs ist von besonderem serodiagnostischem Interesse (Numerierung nach Wain Hobson et al., Cell 40:9-17, 1985; Gnann et al., J. Inf. Dis. 156:261-267, 1987; Norby et al., Nature, 329:248-250, 1987). Korrespondierende Aminosäurebereiche aus den Hüllproteinen von HIV 2 und SIV sind ebenfalls immundiagnostisch konserviert (Gnann et al., Science, S. 1346-1349, 1987). So werden Peptide aus diesem Hüllproteinbereich von HIV 1 und HIV 2 in vielen kommerziell erhältlichen HIV 1/2 Antikörper-Screeningtests als Festphasenantigene eingesetzt. Ungefähr 99 % der Anti-HIV 1 und Anti-HIV 2 positiven Seren können damit erfaßt werden.

Der korrespondierende Aminosäurebereich des MVP-5180/91-Hüllproteins (Tabelle 4) als auch das gesamte gp 41 dieses Isolates könnten serodiagnostisch insbesondere dann von Bedeutung sein, wenn Antisera von HIV-infizierten Patienten in kommerziell erhältlichen Antikörper-Screening-Tests nur schwach oder überhaupt nicht reagieren würden. In diesen Fällen könnte eine Infektion mit einem MVP-5180/91 eng verwandten Virus vorliegen.

Tab. 4:

1 RILAVERYLKDQQLGIWGCSGKLICTTAVPWNAS
2 LQ L TLIQN R NL K Y S K T

1 HIV 1 Aminosäuresequenz aus gp41
2 MvP5180-Sequenz aus gp41. Nur Unterschiede zu der HIV 1-Sequenz sind ausgedruckt.

Das Peptid, das mit Hilfe der von MvP 5180 stammenden Information aufgefunden wurde, hat also die Aminosäuresequenz: RLQALETLIQNQRLNLWGCKGKLCYTSVKWNTS.

Gegenstand der vorliegenden Erfindung sind daher Peptide, die rekombinant oder synthetisch hergestellt werden können und die oben angegebene Sequenz oder Teilsequenz aufweisen, wobei die Teilsequenzen wenigstens 6 aufeinanderfolgende Aminosäuren, bevorzugt 9 und besonders bevorzugt 12 aufeinanderfolgende Aminosäuren aufweisen.

B Ispliel 9

Klonierung des Gesamtgenoms des HIV-Isolates MvP5180

5 a) Herstellung einer genomischen Bibliothek

Genomische DNA aus MvP5180-infizierten HUT78-Zellen wurde wie beschrieben isoliert. 300 µg dieser DNA wurde in einem Volumen von 770 µl mit 0,24 U des Restriktionsenzym Sau3A für 45 min inkubiert. Die dadurch nur partiell geschnittene DNA wurde anschließend über ein 0,7 %iges Agarosegel (low melting agarose, Nusieve) größenfraktioniert und Fragmente zwischen 10 und 21 kb ausgeschnitten. Die Agarose wurde für 10 min bei 70 °C geschmolzen und mit demselben Volumen Puffer (1 x TBE, 0,2 M NaCl) versetzt. Anschließend folgte nach zweimaliger Phenol- und einmaliger Chloroformextraktion die Fällung der DNA durch Zugabe von 1/10 Vol 3 M Natriumacetatlösung (pH 5,9) und 2,5 Vol Ethanol bei -70 °C für 10 min. Die gefällte DNA wurde abzentrifugiert, getrocknet und in einer Konzentration von 1 µg/µl in Wasser gelöst.

Die Ausbeute an größenfraktionierter DNA betrug etwa 60 µg. 5 µg dieser DNA wurden mit 1 U Alkalische Phosphatase im entsprechenden Puffer für 20 min bei 37 °C inkubiert. Durch Abspaltung des 5'-terminalen Phosphatrestes wurden so multiple Insertionen von größenfraktionierter DNA vermindert. Die Phosphatasebehandlung wurde durch Phenolisierung gestoppt, die DNA wie oben gefällt und zusammen mit 1 µg des Vektors (2 DASH, BamHI geschnitten, Stratagene Nr.: 247611) in 6 µl Gesamtvolumen mit 2 Weiss-Units Lambda T4 Ligase für 12 Stunden bei 15 °C ligiert. Nach erfolgter Ligation wurde die DNA mit Hilfe eines Verpackungskits (Gigapack II Gold, Stratagene Nr.: 247611) genau nach Angaben des Herstellers in Phagenhüllen verpackt.

25 b) Radioaktive Markierung der DNA-Probe

Für die Markierung wurde der "Random Primed DNA Labelling Kit" von Boehringer Mannheim (Nr.: 713 023) eingesetzt. Markiert wurde das PCR-Produkt, welches wie in Beispiel 3 beschrieben mit den Primern sk68 und envb erhalten wurde. 1 µg dieser DNA wurde durch 2 x 5 min Kochen und anschließender Abkühlung in Eiswasser denaturiert. Zur Markierung wurden 50 mCi [α -³²P]-dCTP (NEN, Nr.: NEX-053H) zugegeben. Sonstige Zusätze wurden nach Herstellerangaben pipettiert. Nach einer Inkubation von 30 min bei 37 °C erfolgte eine Fällung der nun radioaktiv markierten DNA.

35 c) Screening der Phagen-Bibliothek

Zu 200 µl einer bei 30 °C über Nacht angezogenen Kultur (Stamm SRB(P2) [Stratagene, Nr.: 247611] in LB-Medium, welches 10 mM MgSO₄, sowie 0,2 % Maltose enthält) wurden 20000 pfu (Plaque forming units) der Bibliothek in 100 µl SM-Puffer (5,8 g NaCl, 2 g MgSO₄, 50 ml 1 M Tris, pH 7,5 und 5 ml einer 2 % Gelatinelösung in 1 l H₂O gelöst) gegeben, die Phagen 20 min bei 37 °C an die Bakterien adsorbiert, mit 7,5 ml auf 55 °C abgekühlter Top-Agarose gemischt und auf einer vorgewärmten Lb-Agarplatte von 14 cm Durchmesser verteilt. Nach etwa 8 Stunden erreichten die Plaques Konfluenz. Daraufhin wurden Nitrocellulosefilter für wenige Minuten auf die Platten gelegt und asymmetrische Markierungen angebracht. Nach vorsichtigem Abheben wurden die Filter für 2 min denaturiert (0,5 M NaOH, 1,5 M NaCl) und dann 5 min neutralisiert (0,5 M Tris, pH 8, 1,5 M NaCl). Nach anschließendem Backen der Filter bei 80 °C für 60 min, konnten die Filter mit der Probe hybridisiert werden.

Zur Vorhybridisierung wurden die Filter in 15 ml Hybridisierungslösung (50 % Formamid, 0,5 % SDS, 5 x SSPE, 5 x Denhardt's Lösung und 0,1 mg/ml Lachssperma-DNA) pro Filter bei 42 °C unter Schütteln 2-3 h inkubiert. Die [³²P]-markierten DNA-Proben wurden 2-5 min bei 100 °C denaturiert, auf Eis abgekühlt, der Vorhybridisierungslösung zugesetzt und 12 Stunden bei 42 °C hybridisiert. Anschließend wurden die Filter bei 80 °C zunächst mit 2 x SSC/0,1 % SDS, dann mit 0,2 x SSC/0,1 % SDS gewaschen. Nach Trocknen der Filter wurden Hybridisierungssignale mit Hilfe des Röntgenfilms X-OMAT™ AR (Kodak) detektiert. Die Plaques, denen ein Signal zugeordnet werden konnte, wurden nach Elution in SM-Puffer in weiteren Verdünnungsschritten vereinzelt.

Der unten beschriebene Klon konnte nach dem Screening von 2 x 10⁶ Plaques identifiziert werden.

55

d) Isolierung der Phagen-DNA und Subklonierung

Mit 10 µl eines Phageneluats in SM-Puffer, wurde eine Übernachtskultur des Wirtstammes SRB (P2) so infiziert, daß nach zunächst dichtem Wachstum der Kultur nach etwa 6-8 h Lyse erfolgte. Von der lysierten Kultur wurden Zellreste durch zweimalige Zentrifugation bei 8000 g für 10 min abgetrennt. Anschließend wurden die Phagen durch Zentrifugation pelletiert (35000 g, 1 h), in 700 µl 10 mM MgSO₄ aufgenommen und solange phenolisiert, bis keine Proteininterphase mehr zu sehen war. Daraufhin wurde die Phagen-DNA gefällt, mit dem Restriktionsenzym EcoRI geschnitten und die daraus erhaltenen EcoRI-Fragmente in den Vektor Bluescript KS⁻ (Stratagene, Nr.: 212208) subkloniert. Insgesamt wurden 4 Klone erhalten:

Plasmid	Beginn ¹	Ende ¹
pSP1	1	1785
pSP2	1786	5833
pSP3	5834	7415
pSP4	7660	9793

¹bzgl. der folgenden Gesamtsequenz

Das fehlende Stück zwischen Base 7416 und 7659 wurde durch PCR mit den Primern 157 (CCA TAA TAT TCA GCA GAA CTA G) und 226 (GCT GAT TCT GTA TAA GGG) erhalten. Als DNA-Template wurde die Phagen-DNA des Klon verwendet. Die Bedingungen für die PCR waren: 1.) Initiale Denaturierung: 94 °C, 3 min, 2.) Amplifikation: 1,5 min 94 °C, 1 min 56 °C und 1 min 72 °C für 30 Zyklen. Die Sequenzierung der DNA erfolgte wie in Beispiel 4 beschrieben. Vom gesamten Genom wurde sowohl der Strang- als auch der Gegenstrang sequenziert. Bei allen EcoRI Schnittstellen wurde durch PCR mit Phagen-DNA des Klon als DNA-Template verifiziert, daß es sich an den Subklonübergängen jeweils um singuläre EcoRI-Schnittstellen handelt.

Tab. 5

Die Lage der Gene der Virusproteine GAG, POL und ENV in der Gesamtsequenz von MvP5180		
Gen	Start ¹	Stop ¹
GAG	817	2310
POL	2073	5153
ENV	6260	8887

1.) Die Zahlen geben die Basenpositionen in der Gesamtsequenz von MvP5180/91

Die Gesamtsequenz von MvP5180/91 ist in Fig. 4 dargestellt.

Beispiel 10

Abgrenzung der Gesamtsequenz von MvP5180/91 von anderen HIV1-Isolaten

Grundlage für die folgenden Sequenzvergleiche war die Datenbanken Genbank Release 75 von 2.93, EMBL 33 von 12.92 und Swissprot 24 von 1.93. Homologievergleiche erfolgten mit der GCG-Software (Version 7.2, 10.92. der Genetics-Computer-Group, Wisconsin).

Zunächst wurden auf Aminosäureebene die Sequenzen von GAG, POL und ENV mit dem Programm "Wordsearch" mit der Datenbank verglichen. Die 50 besten Homologen wurden mit dem Programm "Pileup" jeweils untereinander verglichen. Daraus geht deutlich hervor, daß MvP5180/91 in den HIV1-Stammbaum fällt, dort aber sehr früh, sogar noch vor dem Schimpansenvirus SiVcpz abzweigt, also eine neue Subfamilie von HIV1 repräsentiert. Um Zahlenwerte für die Homologien zu erhalten, wurde mit dem Programm "Gap" MvP5180 mit den jeweils am besten passenden HIV1, HIV2 und SiV-Sequenzen und zusätzlich mit der SiVcpz-Sequenz verglichen.

Tab. 6

Homologiewerte der Aminosäuresequenzen von GAG, POL und ENV des MvP5180/91-Isolates								
GAG	SIVcpz	70,2%	HIV1u ²	69,9%	HIV2d ³	53,6%	SIV1a ⁴	55,1%
		83,6%		81,2%		71,3%		71,3%
POL	SIVcpz	78,0%	HIV1u ²	76,1%	HIV2d ³	57,2%	SIVgb ⁵	57,7%
		88,0%		86,8%		71,9%		74,8%
ENV	SIVcpz	53,4%	HIV1h ¹	50,9%	HIV2d ³	34,4%	SIVat ⁶	34,4%
		67,1%		67,2%		58,7%		57,8%

¹h = hz321/Zaire,²u = u455/Uganda,³d = jrcst,⁴a = agm155,⁵gb = gb1⁶at = agm

Der obere Zahlenwert drückt die Identität, der untere die Ähnlichkeit beider Sequenzen aus. Weiter wurde die Datenbank mit "Wordsearch" und "Gap" auf Nukleotidebene durchsucht. Die Homologiewerte für die jeweils besten "matches" sind in Tabelle 7 zusammengefaßt.

Tab. 7

Homologiewerte der Nukleotidsequenz von MvP5180/91				
	HIV1		HIV2	
gag	HIVelicg	70,24 %	HIV2bihz	60,0 %
pol	HIVmal	75,0 %	HIV2cam2	62,8 %
env	HIVsimi84	59,7 %	HIV2gha	49,8 %

Beispiel 11

Beschreibung der PCR Amplifizierung, Klonierung und Sequenzierung des gag Gens des HIV 5180 Isolates

Um die im Laufe der Virusvermehrung auftretenden Spontanmutationen darzustellen, wurde ein Teil des Virusgenoms mit der PCR-Technik kloniert und die so erhaltene DNS-Sequenz verglichen mit der Sequenz gemäß Fig. 4.

Die gag Sequenz wurde vom LTR ("long terminal repeat", LTR1 primer) des linken Endes des MvP 5180 Genomes bis in das pol (Polymerase Gen, pol3.5i primer) hinein überlappend kloniert. Die Klonierungsstrategie ist in Fig. 5 schematisch dargestellt.

Die PCR Reaktionen wurden mit den u.g. DNA Primern, deren Sequenzen von der HIV-1 Konsensus-Sequenz abgeleitet wurden, durchgeführt. Die Sequenzierungen erfolgten mit Hilfe der Dideoxykettenabbruchmethode.

Die für das MvP 5180 gag Gen kodierende Sequenz erstreckt sich von Nukleotid 817 (A des ATG Startkodons) bis Nukleotid 2300 (A des letzten Kodons) (Sequ. ID No. 47-53).

LTR1: 5' - CTA GCA GTG GCG CCC GAA CAG G -3'
 gag3.5: 5' - AAT GAG GAA GCU GCA GAU TGG GA -3' (U=A/T)
 gag 3.5i: 5' - TCC CAU TCT GCU GCT TCC TCA TT -3' (U=A/T)
 gag5: 5' - CCA AGG GGA AGT GAC ATA GCA GGA AC -3'
 gag959: 5' - CGT TGT TCA GAA TTC AAA CCC -3'
 gag11i: 5' - TCC CTA AAA AAT TAG CCT GTC -3'
 pol3.5i: 5' - AAA CCT CCA ATT CCC CCT A -3'

Die bei der PCR-Technik erhaltene DNS-Sequenz wurde der in Figur 4 dargestellten DNS-Sequenz gegenübergestellt. Ein Vergleich der beiden DNS-Sequenzen ist in Figur 8 dargestellt. Hierbei wurde festgestellt, daß sich die Nukleotide in ca. 2 % voneinander unterscheiden, obwohl es sich um dasselbe Virus handelt. In Fig. 8 stellt jeweils die obere Zeile die DNS-Sequenz dar, die in Fig. 4 dargestellt ist und die untere Zeile stellt die mit PCR-Technik erhaltene DNS-Sequenz dar.

Weiterhin wurde die Aminosäuresequenz des mit PCR-Technik ermittelten Proteins gag der Aminosäuresequenz des aus Fig. 4 abgeleiteten entsprechenden Proteins gegenübergestellt. Dabei wurde ein Unterschied der Aminosäure von ca. 2,2 % ermittelt. Der Vergleich ist in Fig. 7 dargestellt, wobei die untere Zeile jeweils die Aminosäuresequenz darstellt, die von der mit PCR-Technik erhaltenen Sequenz abgeleitet wurde.

Beispiel 12

Es wurde die Sequenz des erfindungsgemäßen Virus MvP 5180 verglichen mit den Konsensus-Sequenzen von HIV1 und HIV2 und soweit bekannt mit der Sequenz von ANT-70 (WO 89/12094).

Dabei wurden folgende Ergebnisse erhalten:

Tab. 8

Genort	abweichende Nukleotide	Zahl der Nukleotide	% Homologie (genähert)
LTR	207 308 115	630	HIV-1 67 % HIV-2 51 % ANT 70 82 %
GAG	448 570	1501	HIV-1 70 % HIV-2 62 %
POL	763 1011	3010	HIV-1 74 % HIV-2 66 %
VIF	183 338	578	HIV-1 68 % HIV-2 42 %
ENV	1198 1289	2534	HIV-1 53 % HIV-2 49 %
NEF	285 342	621	HIV-1 54 % HIV-2 45 %
total	3082 3858	8874	HIV-1 65 % HIV-2 58 %

In der obigen Tabelle bedeuten "HIV-1" Konsensus-Sequenzen von HIV-1 Viren; "HIV-2" Konsensus-Sequenzen von HIV-2 Viren; ANT-70 aus der WO 89/12094 bekannte Teilsequenz eines als HIV-3 bezeichneten Virus.

Gegenstand der vorliegenden Erfindung sind daher Viren, DNS-Sequenzen, Aminosäuresequenzen sowie Teilsequenzen davon, die eine solche Homologie mit der in Fig. 4 dargestellten Sequenz aufweisen, bezogen auf die Genorte, daß höchstens die in Tabelle 9 angegebenen Anteile, ausgedrückt in %-Werten, unterschiedlich sind.

Tab. 9

Homologien auf G-basis, ausgedrückt als maximale Unterschiede			
Genort	Unterschiede	bevorzugte Unterschiede	besonders bevorzugte Unterschiede
LTR	17 %	15 %	10 %
GAG	29 %	28 %	14 %
POL	25 %	24 %	12 %
VIF	31 %	30 %	15 %
ENV	46 %	45 %	22 %
NEF	16 %	12 %	10 %

Die in Tabelle 9 angegebenen Homologiewerte in % bedeuten, daß bei einer Gegenüberstellung der Sequenz gemäß Fig. 4 mit einer Sequenz eines anderen Virus höchstens ein den oben angegebenen Prozentwerten entsprechender Anteil der Sequenz unterschiedlich sein darf.

Beispiel 13

V3-loop / V3-Schleife

Diese Schleife ist die hauptneutralisierende Region im HIV und die Dokumentation der immunologischen Spezifitäten der Region sind in der Figur 8 zusammengefaßt. Dies ist eine Kopie aus AIDS aus einer Arbeit von Peter Nara (1990).

Die V3-Schleife ist dann in Aminosäuren-Ebene aufgezeichnet und mit dem IIIB Virus jetzt LAI und dem ersten HIV-2 Isolat (ROD) verglichen. Einzelne Aminosäuren an der Cystin-Brücke sind konserviert. Während die Krone von HIV-1 GPGR oder GPGQ ist und die von HIV-2 GHVF ist die Krone des MvP5180/91 gebildet aus den Aminosäuren GPMR. Das Motiv mit dem Methionin ist bisher nicht beschrieben worden und unterstreicht die Individualität des MvP 5180/91.

Nachdem die Nukleinsäuresequenz des Virus ermittelt war, wurde der V3-Loop-Bereich mit Hilfe der PCR-Technik unter Verwendung geeigneter Primer amplifiziert. Hierbei konnten Mutationen beobachtet werden, insbesondere eine Veränderung des Methionin-Kodons (ATG) zu einem Leucin-Kodon (CTG).

Nachfolgend wird eine Gegenüberstellung der von der klonierten Nukleinsäure abgeleiteten Aminosäuresequenz und der Sequenz gegeben, die nach Amplifizierung mittels PCR-Technologie erhalten wurde (Sequ. ID No. 54-55):

MvP 5180 (kloniert):

CIREGIAEVQDIYTGPMRWRSM TLKRSNNTSPRSRVAYC

MvP 5180 (PCR-Technik):

CIREGIAEVQDLHTGPLRWRSM TLKSSNSHTQPRSKVAYC

Beispiel 14

Um zu zeigen, daß mit Hilfe des erfindungsgemäßen Virus MvP 5180 bzw. davon abgeleiteten Antigenen auch solche Seren als HIV-1 positiv nachgewiesen werden können, die bei Verwendung eines normalen HIV-1 + 2 Screening-Tests nicht erfaßt werden können, wurden verschiedene Seren von Patienten aus Kamerun im EIA-Test überprüft.

Bei einer Studie in Kamerun wurden 156 Anti-HIV-1-positive Seren überprüft. Bei zwei dieser Seren wurden erhebliche, diagnostisch relevante Unterschiede beobachtet. Bei der nachfolgenden Tabelle 10 werden die gemessenen Extinktionen angegeben. CAM-A bzw. CAM-B stehen für die Seren verschiedener Patienten.

Tabelle 10

Patientenseren	MvP 5180-EIA	HIV-1 + HIV-2 EIA
CAM-A	2.886	1.623
CAM-B	1.102	0.386

Der Cutoff für beide Tests betrug 0.300.

In einer weiteren Studie mit 47 Anti-HIV-1-positiven Seren aus Kamerun fielen zwei Seren besonders auf. Eines davon (93-1000) stammt von einem wenig symptomatischen, das andere (93-1001) von einem AIDS-kranken Patienten. In der folgenden Tabelle 11 werden die Extinktionswerte der beiden EIA-Tests einander gegenübergestellt:

Tabelle 11

Patientenseren	MvP 5180-EIA	HIV-1 + HIV-2 EIA
93-1000	> 2.5	1.495
93-1001	0.692	0.314

Auch hier betrug der Cutoff 0.3. Die Extinktionswerte des Patienten 93-1001 zeigen, daß der normale HIV-1 + HIV-2 EIA versagen kann, wohingegen durch Einsatz des erfindungsgemäßen Antigens ein klarer Nachweis möglich ist.

SEQUENZPROTOKOLL

(1) ALLGEMEINE INFORMATION:

ANMELDER:

- (A) NAME: Behringwerke Aktiengesellschaft
- (B) STRASSE: Postfach 11 40
- (C) ORT: Marburg
- (E) LAND: Germany
- (F) POSTLEITZAHL: 35001

ANMELDETITEL:

Retrovirus aus der HIV-Gruppe und dessen Verwendung

ANZAHL DER SEQUENZEN: 60

COMPUTER-LESBARE FORM:

- (A) DATENTRÄGER: Floppy Disk
- (B) COMPUTER: IBM PC compatible
- (C) BETRIEBSSYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
- (D) SOFTWARE: PADAT Sequenzmodul Version 1.0

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 1:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:
 (A) LÄNGE: 18 Basenpaare
 (B) ART: Nukleinsäure
 (C) STRANGFORM: Einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: synthetische DNA

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 1:

CTACTAGTAC CCTTCAGG

18

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 2:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:
 (A) LÄNGE: 21 Basenpaare
 (B) ART: Nukleinsäure
 (C) STRANGFORM: Einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: synthetische DNA

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 2:

CGG TCT ACA TAG TCT CTA AAG

21

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 3:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:
 (A) LÄNGE: 21 Basenpaare
 (B) ART: Nukleinsäure
 (C) STRANGFORM: Einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: synthetische DNA

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 3:

CCACCTATCC CAGTAGGAGA A

21

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 4:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:
 (A) LÄNGE: 30 Basenpaare
 (B) ART: Nukleinsäure
 (C) STRANGFORM: Einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: synthetische DNA

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 4:

CCTTTGGTCC TTGTCTTATG TCCAGAATGC

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 5:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:
 (A) LÄNGE: 25 Basenpaare
 (B) ART: Nukleinsäure
 (C) STRANGFORM: Einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: synthetische DNA

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 5:

TGGGAAGTTC AATTAGGAAT ACCAC

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 6:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:
 (A) LÄNGE: 26 Basenpaare
 (B) ART: Nukleinsäure
 (C) STRANGFORM: Einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: synthetische DNA

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 6:

CCTACATAGA AATCATCCAT GTATTG

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 7:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:
 (A) LÄNGE: 19 Basenpaare
 (B) ART: Nukleinsäure
 (C) STRANGFORM: Einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: synthetische DNA

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 7:

TGGATGTGGG TGATGCATA

19

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 8:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:
 (A) LÄNGE: 21 Basenpaare
 (B) ART: Nukleinsäure
 (C) STRANGFORM: Einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: synthetische DNA

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 8:

AGCACATTGT ACTGATATCT A

21

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 9:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:
 (A) LÄNGE: 22 Basenpaare
 (B) ART: Nukleinsäure
 (C) STRANGFORM: Einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: synthetische DNA

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 9:

AGTGGGGGA CATCAAGCAG CC

22

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 10:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:
 (A) LÄNGE: 22 Basenpaare
 (B) ART: Nukleinsäure
 (C) STRANGFORM: Einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: synthetische DNA

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 10:

TGCTATGTCA CTTCCCTTG GT

22

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 11:

- (1) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:
(A) LÄNGE: 22 Basenpaare
(B) ART: Nukleinsäure
(C) STRANGFORM: Einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: synthetische DNA

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 11:

CCATGCAAAT GTTAAAAGAG AC

22

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 12:

- (1) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:
(A) LÄNGE: 19 Basenpaare
(B) ART: Nukleinsäure
(C) STRANGFORM: Einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: synthetische DNA

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 12:

GGCCTGGTGC AATAGGCC

19

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 13:

- (1) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:
(A) LÄNGE: 20 Basenpaare
(B) ART: Nukleinsäure
(C) STRANGFORM: Einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: synthetische DNA

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 13:

GTGCTTCCAC AGGGATGGAA

20

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 14:

- (1) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:
(A) LÄNGE: 18 Basenpaare
(B) ART: Nukleinsäure
(C) STRANGFORM: Einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: synthetische DNA

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 14:

ATCATCCATG TATTGATA

18

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 15:

(1) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:
 (A) LÄNGE: 20 Basenpaare
 (B) ART: Nukleinsäure
 (C) STRANGFORM: Einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: synthetische DNA

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 15:
 AATGGAGCCA GTAGATCCTA 20

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 16:

(1) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:
 (A) LÄNGE: 20 Basenpaare
 (B) ART: Nukleinsäure
 (C) STRANGFORM: Einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: synthetische DNA

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 16:
 TGTCTCCGCT TCTTCCTGCC 20

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 17:

(1) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:
 (A) LÄNGE: 20 Basenpaare
 (B) ART: Nukleinsäure
 (C) STRANGFORM: Einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: synthetische DNA

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 17:
 GAGCCCTGGA AGCATCCAGG 20

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 18:

(1) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:
 (A) LÄNGE: 20 Basenpaare
 (B) ART: Nukleinsäure
 (C) STRANGFORM: Einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: synthetische DNA

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 18:
 GGAGATGCCT AAGGCTTTTG 20

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 19:

- 5 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:
(A) LÄNGE: 17 Basenpaare
(B) ART: Nukleinsäure
(C) STRANGFORM: Einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

10 (ii) ART DES MOLEKÜLS: synthetische DNA

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 19:

TGTTTCCTTGG GTTCTTG

17

15

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 20:

- 20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:
(A) LÄNGE: 20 Basenpaare
(B) ART: Nukleinsäure
(C) STRANGFORM: Einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) ART DES MOLEKÜLS: synthetische DNA

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 20:

GAGTTTTCCA GAGCAACCCC

20

30

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 21:

- 35 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:
(A) LÄNGE: 20 Basenpaare
(B) ART: Nukleinsäure
(C) STRANGFORM: Einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

40 (ii) ART DES MOLEKÜLS: synthetische DNA

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 21:

AGCAGCAGGA AGCACTATGG

20

45

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 22:

- 50 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:
(A) LÄNGE: 24 Basenpaare
(B) ART: Nukleinsäure
(C) STRANGFORM: Einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: synthetische DNA

55

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 22:

GCCCCAGACT GTGAGTTGCA ACAG

24

EP 0 351 514 A2

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 23:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:
(A) LÄNGE: 22 Basenpaare
(B) ART: Nukleinsäure
(C) STRANGFORM: Einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: synthetische DNA

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 23:

GCACAGTACA ATGTACACAT GG

22

15

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 24:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:
(A) LÄNGE: 22 Basenpaare
(B) ART: Nukleinsäure
(C) STRANGFORM: Einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: synthetische DNA

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 24:

CAGTAGAAAA ATTCCCCTCC AC

22

30

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 25:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:
(A) LÄNGE: 31 Basenpaare
(B) ART: Nukleinsäure
(C) STRANGFORM: Einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: synthetische DNA

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 25:

TCAGGATCCA TGGGCAGTCT AGCAGAAGAA G

31

45

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 26:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:
(A) LÄNGE: 42 Basenpaare
(B) ART: Nukleinsäure
(C) STRANGFORM: Einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: synthetische DNA

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 26:

ATGCTCGAGA ACTGCAGCAT CGATTCTGGG TCCCCTCCTG AG

42

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 27:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:
(A) LÄNGE: 40 Basenpaare
(B) ART: Nukleinsäure
(C) STRANGFORM: Einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: synthetische DNA

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 27:

CGAGAACTGC AGCATCGATG CTGCTCCCAA GAACCCAAGG

40

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 28:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:
(A) LÄNGE: 21 Basenpaare
(B) ART: Nukleinsäure
(C) STRANGFORM: Einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: synthetische DNA

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 28:

GGAGCTGCTT GATGCCCCAG A

21

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 29:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:
(A) LÄNGE: 22 Basenpaare
(B) ART: Nukleinsäure
(C) STRANGFORM: Einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: synthetische DNA

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 29:

TGATGACAGC ATGTCAGGGA GT

22

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 30:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:
(A) LÄNGE: 25 Basenpaare
(B) ART: Nukleinsäure
(C) STRANGFORM: Einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: synthetische DNA

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 30:

GCTGACATT ATCACAGCTG GCTAC

25

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 31:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:
(A) LÄNGE: 27 Basenpaare
(B) ART: Nukleinsäure
(C) STRANGFORM: Einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: synthetische DNA

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 31:

TATCACCTAG AACTTTAAAT GCATGGG

27

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 32:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:
(A) LÄNGE: 22 Basenpaare
(B) ART: Nukleinsäure
(C) STRANGFORM: Einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: synthetische DNA

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 32:

AGTCCCTGAC ATGCTGTCAT CA

22

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 33:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:
(A) LÄNGE: 22 Basenpaare
(B) ART: Nukleinsäure
(C) STRANGFORM: Einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: synthetische DNA

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 33:

GTGGAGGGGA ATTTTCTAC TG

22

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 34:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:
(A) LÄNGE: 24 Basenpaare
(B) ART: Nukleinsäure
(C) STRANGFORM: Einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: synthetische DNA

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 34:

CCTGCTGCTC CCAAGAACCC AAGG

24

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 35:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:
(A) LÄNGE: 20 Basenpaare
(B) ART: Nukleinsäure
(C) STRANGFORM: Einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Primer

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 35:

AGCAGCAGGA AGCACTATGG

20

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 36:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:
(A) LÄNGE: 20 Basenpaare
(B) ART: Nukleinsäure
(C) STRANGFORM: Einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Primer

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 36:

GAGTTTICCA GAGCAACCCC

20

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 37:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:
(A) LÄNGE: 195 Basenpaare
(B) ART: Nukleinsäure
(C) STRANGFORM: Einzel
(D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Genom-DNA

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 37:

GCGCAGCGGC AACAGCGCTG ACGGTACGGA CCCACAGTGT ACTGAAGGGT ATAGTGCAAC
AGCAGGACAA CCTGCTGAGA GCGATACAGG CCCAGCAACA CTTGCTGAGG TTATCTGTAT
GGGGTATTAG ACAACTCCGA GCTCGCCTGC AAGCCTTAGA AACCCCTTATA CAGAATCAGC
AACGCCTAAA CCTAT

60

120

180

195

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 38:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

- (A) LÄNGE: 195 Basenpaare
 (B) ART: Nukleinsäure
 (C) STRANGFORM: Einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Genom-DNA

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 38:

CGCGTCGCCG TTGTCGCGAC TGCCATGCCT GGGTGTACA TGA CTTCCTCA TATCAGTTG 60
 TCGTCCTGTT GGACGACTCT CGCTATGTCC GGGTCGTTGT GAACGACTCC AATAGACATA 120
 CCCATAATC TGTTGAGGCT CGAGCGGACG TTCGGAATCT TTGGGAATAT GTCTTAGTCG 180
 TTGCGGATTT GGATA 195

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 39:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

- (A) LÄNGE: 64 Aminosäuren
 (B) ART: Aminosäure
 (C) STRANGFORM: Einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

(v) ART DES FRAGMENTS: inneres

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 39:

Ala Ala Ala Thr Ala Leu Thr Val Arg Thr His Ser Val Leu Lys Gly 15
 1 5 10
 Ile Val Gln Gln Gln Asp Asn Leu Leu Arg Ala Ile Gln Ala Gln Gln 30
 20 25 30
 His Leu Leu Arg Leu Ser Val Trp Gly Ile Arg Gln Leu Arg Ala Arg 45
 35 40 45
 Leu Gln Ala Leu Glu Thr Leu Ile Gln Asn Gln Gln Arg Leu Asn Leu 60
 50 55 60

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 40:

(1) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

- (A) LÄNGE: 22 Basenpaare
- (B) ART: Nukleinsäure
- (C) STRANGFORM: Einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Primer

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 40:

CAGAATCAGC AACGCCTAAA CC

22

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 41:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

- (A) LÄNGE: 21 Basenpaare
- (B) ART: Nukleinsäure
- (C) STRANGFORM: Einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Primer

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 41:

GCCCTGTCCT ATTCTTCTAG G

21

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 42:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

- (A) LÄNGE: 20 Basenpaare
- (B) ART: Nukleinsäure
- (C) STRANGFORM: Einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Primer

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 42:

GCCTGCAAGC CTTAGAAACC

20

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 43:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

- (A) LÄNGE: 23 Basenpaare
- (B) ART: Nukleinsäure
- (C) STRANGFORM: Einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Primer

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 43:

GCACATATACC CTTAGTACA CTG

23

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 44:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

- (A) LÄNGE: 1057 Basenpaare
 (B) ART: Nukleinsäure
 (C) STRANGFORM: Einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Genom-DNA

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 44:

```

AAATGTCAAG ACCAATAATA AACATTCACA CCCCTCACAG GGAAAAAAGA GCAGTAGGAT      60
TGGGAATGCT ATTCTTGGGG GTGCTAAGTG CAGCAGGTAG CACTATGGGC GCAGCGGCAA      120
CAGCGCTGAC GGTACGGACC CACAGTGTAC TGAAGGGTAT AGTGCAACAG CAGGACAACC      180
TGCTGAGAGC GATACAGGCC CAGCAACACT TGCTGAGGTT ATCTGTATGG GGTATTAGAC      240
AACTCCGAGC TCGCCTGCAA GCCTTAGAAA CCCTTATACA GAATCAGCAA CGCCTAAACC      300
TATGGGGCTG TAAAGGAAAA CTAATCTGTT ACACATCAGT AAAATGGAAC ACATCATGGT      360
CAGGAGGATA TAATGATGAC AGTATTGGG ACAACCTTAC ATGGCAGCAA TGGGACCAAC      420
ACATAAACAA TGTAAGCTCC ATTATATATG ATGAAATACA AGCAGCACAA GACCAACAGG      480
AAAAGAATGT AAAAGCATTG TTGGAGCTAG ATGAATGGGC CTCTCTTTGG AATTGGTTTG      540
ACATAACTAA ATGGTTGTGG TATATAAAAA TAGCTATAAT CATAGTGGGA GCACTAATAG      600
GTATAAGAGT TATCATGATA GTACTTAATC TAGTGAAGAA CATTAGGCAG GGATATCAAC      660
CCCTCTCGTT GCAGATCCCT GTCCCACACC GGCAGGAAGC AGAAACGCCA GGAAGAACAG      720
GAGAAGAAGG TGGAGAAGGA GACAGGCCCA AGTGGACAGC CTTGCCACCA GGATTCTTGC      780
AACAGTTGTA CACGGATCTC AGGACAATAA TCTTGTGGAC TTACCACCTC TTGAGCAACT      840
TAATATCAGG GATCCGGAGG CTGATCGACT ACCTGGGACT GGGACTGTGG ATCCTGGGAC      900
AAAAGACAAT TGAAGCTTGT AGACTTTGTG GAGCTGTAAT GCAATATTGG CTACAAGAAT      960
TGAAAAATAG TGCTACAAAC CTGCTTGATA CTATTGCAGT GTCAGTTGCC AATTGGACTG     1020
ACGGCATCAT CTTAGGTCTA CAAAGAATAG GACAAGG                                1057

```

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 45:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

- (A) LÄNGE: 1057 Basenpaare
 (B) ART: Nukleinsäure
 (C) STRANGFORM: Einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Genom-DNA

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 45:

```

TTTACAGTTC TGGTTATTAT TTGTAAGTGT GGGGAGTGTC CCTTTTTTCT CGTCATCCTA      60
ACCCTTACGA TAAGAACCCC CACGATTCAC GTCGTCCATC GTGATACCCG CGTCGCCGTT      120
GTCGCGACTG CCATGCCTGG GTGTCACATG ACTTCCCATA TCACGTTGTC GTCCTGTTGG      180
ACGACTCTCG CTATGTCCGG GTCGTTGTGA ACGACTCCAA TAGACATACC CCATAATCTG      240
TTGAGGCTCG AGCGGACGTT CGGAATCTTT GGAATATGT CTTAGTCGTT GCGGATTGTT      300
ATACCCCGAC ATTTCCCTTT GATTAGACAA TGTGTAGTCA TTTTACCTTG TGTAGTACCA      360
GTCCTCCTAT ATTACTACTG TCATAAACCC TGTGGAAIG TACCGTCGTT ACCCTGGTTG      420
TGTATTTGTT ACATTCGAGG TAATATATAC TACTTATGT TCGTCGTGTT CTGGTTGTCC      480
TTTTCTTACA TTTTCGTAAC AACCTCGATC TACTTACCCG GAGAGAAACC TTAACCAAAC      540
TGTATTGATT TACCAACACC ATATATTTT ATCGATATTA GTATCACCCT CGTGATTATC      600
CATATTCTCA ATAGTACTAT CATGAATTAG ATCACTTCTT GTAATCCGTC CCTATAGTTG      660
GGGAGAGCAA CGTCTAGGGA CAGGGTGTGG CCGTCCTTCG TCTTTGCGGT CCTTCTTGTC      720
CTCTTCTTCC ACCTCTTCCT CTGTCCGGGT TCACCTGTCG GAACGGTGGT CCTAAGAACG      780
TTGTCAACAT GTGCCTAGAG TCCTGTTATT AGAACACCTG AATGGTGGAG AACTCGTTGA      840
ATTATAGTCC CTAGGCCTCC GACTAGCTGA TGGACCCTGA CCCTGACACC TAGGACCCTG      900
TTTTCTGTTA ACTTCGAACA TCTGAAACAC CTCGACATTA CGTTATAACC GATGTTCTTA      960
ACTTTTTATC ACGATGTTTG GACGAACTAT GATAACGTCA CAGTCAACGG TTAACCTGAC     1020
TGCCGTAGTA GAATCCAGAT GTTCTTATC CTGTTCC                                1057

```

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 46:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

- (A) LÄNGE: 351 Aminosäuren
 (B) ART: Aminosäure
 (C) STRANGFORM: Einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

(v) ART DES FRAGMENTS: inneres

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 46:

Met Ser Arg Pro Ile Ile Asn Ile His Thr Pro His Arg Glu Lys Arg
 1 5 10 15
 Ala Val Gly Leu Gly Met Leu Phe Leu Gly Val Leu Ser Ala Ala Gly
 20 25 30
 Ser Thr Met Gly Ala Ala Ala Thr Ala Leu Thr Val Arg Thr His Ser
 35 40 45
 Val Leu Lys Gly Ile Val Gln Gln Asp Asn Leu Leu Arg Ala Ile
 50 55 60
 Gln Ala Gln Gln His Leu Leu Arg Leu Ser Val Trp Gly Ile Arg Gln
 65 70 75 80
 Leu Arg Ala Arg Leu Gln Ala Leu Glu Thr Leu Ile Gln Asn Gln Gln
 85 90 95
 Arg Leu Asn Leu Trp Gly Cys Lys Gly Lys Leu Ile Cys Tyr Thr Ser
 100 105 110
 Val Lys Trp Asn Thr Ser Trp Ser Gly Gly Tyr Asn Asp Asp Ser Ile
 115 120 125
 Trp Asp Asn Leu Thr Trp Gln Gln Trp Asp Gln His Ile Asn Asn Val
 130 135 140
 Ser Ser Ile Ile Tyr Asp Glu Ile Gln Ala Ala Gln Asp Gln Gln Glu
 145 150 155 160
 Lys Asn Val Lys Ala Leu Leu Glu Leu Asp Glu Trp Ala Ser Leu Trp
 165 170 175
 Asn Trp Phe Asp Ile Thr Lys Trp Leu Trp Tyr Ile Lys Ile Ala Ile
 180 185 190
 Ile Ile Val Gly Ala Leu Ile Gly Ile Arg Val Ile Met Ile Val Leu
 195 200 205
 Asn Leu Val Lys Asn Ile Arg Gln Gly Tyr Gln Pro Leu Ser Leu Gln
 210 215 220
 Ile Pro Val Pro His Arg Gln Glu Ala Glu Thr Pro Gly Arg Thr Gly
 225 230 235 240
 Glu Glu Gly Gly Glu Gly Asp Arg Pro Lys Trp Thr Ala Leu Pro Pro
 245 250 255
 Gly Phe Leu Gln Gln Leu Tyr Thr Asp Leu Arg Thr Ile Ile Leu Trp
 260 265 270

Thr Tyr His Leu Leu Ser Asn Leu Ile Ser Gly Ile Arg Arg Leu Ile
 275 280 285
 5 Asp Tyr Leu Gly Leu Gly Leu Trp Ile Leu Gly Gln Lys Thr Ile Glu
 290 295 300
 Ala Cys Arg Leu Cys Gly Ala Val Met Gln Tyr Trp Leu Gln Glu Leu
 305 310 315 320
 10 Lys Asn Ser Ala Thr Asn Leu Leu Asp Thr Ile Ala Val Ser Val Ala
 325 330 335
 Asn Trp Thr Asp Gly Ile Ile Leu Gly Leu Gln Arg Ile Gly Gln
 340 345 350
 15

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 47:

20 (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:
 (A) LÄNGE: 22 Basenpaare
 (B) ART: Nukleinsäure
 (C) STRANGFORM: Einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

25 (ii) ART DES MOLEKÜLS: Primer

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 47:

30 CTAGCAGTGG CGCCCGAACA GG

22

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 48:

35 (i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:
 (A) LENGTH: 23 base pairs
 (B) TYPE: nucleic acid
 (C) STRANDEDNESS: single
 40 (D) TOPOLOGY: linear

(ii) MOLECULE TYPE: Primer

45 (xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 48:

AATGAGGAAG CUGCAGAUTG GGA

23

50

55

LP 03913142

(2) INFORMATION FOR SEQ ID NO: 49:

(i) SEQUENCE CHARACTERISTICS:

- (A) LENGTH: 23 base pairs
- (B) TYPE: nucleic acid
- (C) STRANDEDNESS: single
- (D) TOPOLOGY: linear

(ii) MOLECULE TYPE: Primer

(xi) SEQUENCE DESCRIPTION: SEQ ID NO: 49:

TCCCAUTCTG CUGCTTCCTC ATT

23

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 50:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

- (A) LÄNGE: 26 Basenpaare
- (B) ART: Nukleinsäure
- (C) STRANGFORM: Einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Primer

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 50:

CCAAGGGGAA GTGACATAGC AGGAAC

26

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 51:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

- (A) LÄNGE: 21 Basenpaare
- (B) ART: Nukleinsäure
- (C) STRANGFORM: Einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Primer

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 51:

CGTTGTTTCAG AATTCAAACC C

21

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 52:

- (1) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:
 (A) LÄNGE: 21 Basenpaare
 (B) ART: Nukleinsäure
 (C) STRANGFORM: Einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Primer

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 52:

TCCCTAAAAA ATTAGCCTGT C

21

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 53:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:
 (A) LÄNGE: 19 Basenpaare
 (B) ART: Nukleinsäure
 (C) STRANGFORM: Einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Genom-DNA

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 53:

AAACCTCCAA TTCCCCCTA

19

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 54:

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:
 (A) LÄNGE: 39 Aminosäuren
 (B) ART: Aminosäure
 (C) STRANGFORM: Einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

(v) ART DES FRAGMENTS: inneres

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 54:

Cys Ile Arg Glu Gly Ile Ala Glu Val Gln Asp Ile Tyr Thr Gly Pro
 1 5 10 15

Met Arg Trp Arg Ser Met Thr Leu Lys Arg Ser Asn Asn Thr Ser Pro
 20 25 30

Arg Ser Arg Val Ala Tyr Cys
 35

55

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 55:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

- (A) LÄNGE: 41 Aminosäuren
- (B) ART: Aminosäure
- (C) STRANGFORM: Einzel
- (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

(v) ART DES FRAGMENTS: inneres

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 55:

Cys Ile Arg Glu Gly Ile Ala Glu Val Gln Asp Leu His Thr Gly Pro
 1 5 10 15
 Leu Arg Trp Arg Ser Met Thr Leu Lys Lys Ser Ser Asn Ser His Thr
 20 25 30
 Gln Pro Arg Ser Lys Val Ala Tyr Cys
 35 40

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 56:

(1) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

- (A) LÄNGE: 9793 Basenpaare
 (B) ART: Nukleinsäure
 (C) STRANGFORM: Einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Genom-DNA

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 56:

CTGGATGGGT TAATTTACTC CCATAAGAGA GCAGAAATCC TGGATCTCTG GATATATCAC	60
ACTCAGGGAT TCTTCCCTGA TTGGCAGTGT TACACACCGG GACCAGGACC TAGATTCCCA	120
CTGACATTG GATGGTTGTT TAAACTGGTA CCAGTGTGAG CAGAAGAGGC AGAGAGACTG	180
GGTAATACAA ATGAAGATGC TAGTCTTCTA CATCCAGCTT GTAATCATGG AGCTGAGGAT	240
GCACACGGGG AGATACTAAA ATGGCAGTTT GATAGATCAT TAGGCCTAAC ACATATAGCC	300
CTGCAAAAGC ACCCAGAGCT CTTCCCAAG TAACTGACAC TCGGGGACTT TCCAGACTGC	360
TGACACTGCG GGGACTTTCC AGCGTGGGAG GGATAAGGGG CGGTTCGGGG AGTGGCTAAC	420
CCTCAGATGC TGCATATAAG CAGCTGCTTT CCGCTTGATC CGGGTCTTAG TTAGAGGACC	480
AGGTCTGAGC CCGGGAGCTC CTTGGCCTCT AGCTGAACCC GCTGCTTAAC GCTCAATAAA	540
GCTTGCCCTG AGTGAGAAGC AGTGTGTGCT CATCTGTTCA ACCCTGGTGT CTAGAGATCC	600
CTCAGATCAC TTAGACTGAA GCAGAAAATC TCTAGCAGTG GCGCCCGAAC AGGGACGCGA	660
AAGTGAAAGT GGAACCGAGG AAGAAAACCT CCGACGCAAC GGGCTCGGCT TAGCGGAGTG	720
CACCTGCTAA GAGGCGAGAG GAACTCACA GAGGGTGAGT AAATTGCTG GCGGTGGCCA	780
GACCTAGGGG AAGGGCGAAG TCCCTAGGGG AGGAAGATGG GTGCGAGAGC GTCTGTGTTG	840
ACAGGGAGTA AATTGGATGC ATGGGAACGA ATTAGGTAA GGCCAGGATC TAAAAAGGCA	900
TATAGGCTAA AACATTTAGT ATGGGCAAGC AGGGAGCTGG AAAGATACGC ATGTAATCCT	960
GGTCTATTAG AAAGTGCAGA AGGTACTGAG CAACTGCTAC AGCAGTTAGA GCCAGCTCTC	1020
AAGACAGGGT CAGAGGACCT GAAATCTCTC TGGAAACGCA TAGCAGTACT CTGGTGGGTT	1080
CACAACAGAT TTGACATCCG AGATACACAG CAGGCAATAC AAAAGTTAAA GGAAGTAATG	1140
GCAAGCAGGA AGTCTGCAGA GGCCGCTAAG GAAGAAACAA GCCCTAGGCA GACAAGTCAA	1200
AATTACCCTA TAGTAACAAA TGCACAGGGA CAAATGGTAC ATCAAGCCAT CTCCCCAGG	1260
ACTTTAAATG CATGGGTAAA GGCAGTAGAA GAGAAGGCCT TTAACCCTGA AATTATTCCT	1320
ATGTTTATGG CATTATCAGA AGGGGCTGTC CCCTATGATA TCAATACCAT GCTGAATGCC	1380
ATAGGGGGAC ACCAAGGGGC TTTACAAGTG TTGAAGGAAG TAATCAATGA GGAAGCAGCA	1440
GAATGGGATA GAACTCATCC ACCAGCAATG GGGCCGTTAC CACCAGGGCA GATAAGGGAA	1500
CCAACAGGAA GTGACATTGC TGAACAACCT AGCACACAGC AAGAGCAAAT TATATGGACT	1560

	ACTAGAGGGG CTAACCTCTAT CCCAGTAGGA GACATCTATA GAAAAATGGAT AGTGCTAGGA	1620
	CTAAACAAAA TGGTAAAAAT GTACAGTCCA GTGAGCATCT TAGATAATTAG GCAGGGACCA	1680
5	AAAGAACCAT TCAGAGATTA TGTAGATCGG TTTTACAAAA CATTAAAGAC TGAGCAAGCT	1740
	ACTCAAGAAG TAAAGAATTG GATGACAGAA ACCTTGCTTG TTCAGAATTC AAACCCAGAT	1800
	TGTAAACAAA TTCTGAAAGC ATTAGGACCA GAAGCTACTT TAGAAGAAAT GATGGTAGCC	1860
10	TGTCAAGGAG TAGGAGGGCC AACTCACAAG GCAAAAATAC TAGCAGAAGC AATGGCTTCT	1920
	GCCCAAGCAAG ATTTAAAAAG AGGATACACA GCAGTATTCA TGCAAGAGG GCAGAAATCCA	1980
	AATAGAAAAAG GGGCCATAAA ATGCTTCAAT TGTGGAAAAG AGGGACATAT AGCAAAAAAC	2040
	TGTCGAGCAC CTAGAAAAAG GGGTTGCTGG AAATGTGGAC AGGAAGGTCA CCAAAATGAAA	2100
15	GATTGCAAAA ATGGAAGACA GGCAAAATTT TTAGGGAAGT ACTGGCCTCC GGGGGGCACG	2160
	AGGCCAGGCA ATTATGTGCA GAAACAAGTG TCCCATCAG CCCACCAAT GGAGGAGGCA	2220
	GTGAAGGAAC AAGAGAATCA GAGTCAGAAG GGGGATCAGG AAGAGCTGTA CCCATTGCCC	2280
20	TCCCTCAAAAT CCCTCTTTGG GACAGACCAA TAGTCACAGC AAAGGTTGGG GGTCACTAT	2340
	GTGAGGCTTT ACTGGATACA GGGGCAGATG ATACAGTATT AAATAACATA CAATTAGAAG	2400
	GAAGATGGAC ACCAAAAATG ATAGGGGGTA TAGGAGGCTT TATAAAAGTA AAAGAGTATA	2460
25	ACAATGTGAC AGTAGAAGTA CAAGGAAAGG AAGTACAGGG AACAGTATTG GTGGGACCTA	2520
	CTCCTGTATA TATTCTTGGG AGAAACATAT TGACAGGATT AGGATGTACA CTAAATTTCC	2580
	CTATAAGTCC CATAGCCCCA GTGCCAGTAA AGCTAAAACC AGGAATGGAT GGACCAAAAG	2640
	TAAAACAATG GCCCCTATCT AGAGAGAAAA TAGAAGCACT AACTGCAATA TGCAAGAAA	2700
30	TGGAACAGGA AGGAAAAATC TCAAGAATAG GACCTGAAAA TCCTTATAAT ACACCTATTT	2760
	TTGCTATAAA AAAGAAAGAT AGCACTAAGT GGAGAAAATT GGTAGACTTC AGAGAATTAA	2820
	ATAAAGAAGC ACAAGATTC TGGGAGGTGC AATTAGGTAT TCCACATCCA GGGGGTTTAA	2880
35	AGCAAAGGCA ATCTGTTACA GTCTTAGATG TAGGAGATGC TTATTCTCA TGCCCTTIAG	2940
	ATCCGACTT TAGAAAATAC ACTGCCTTCA CTATTCCTAG TGTGAACAAT GAGACCCAG	3000
	GAGTAAGATA CCAGTACAAT GTCCTCCCGC AAGGGTGGAA AGGTTACCA GCCATATTC	3060
40	AGAGTTCAAT GACAAAGATT CTAGATCCAT TTAGAAAAAG CAACCCAGAA GTAGAAATTT	3120
	ATCAGTACAT AGATGACTTA TATGTAGGAT CAGATTACC ATTGGCAGAA CATAGAAAGA	3180
	GGGTGCAATT GCTTAGGGAA CATTATATC AGTGGGGATT TACTACCCCT GATAAAAAGC	3240
	ATCAGAAGGA ACCTCCCTTT TTATGGATGG GATATGAGCT CCACCCAGAC AAGTGGACAG	3300
45	TACAGCCCAT CCAATTGCCT GACAAAGAAG TGTGGACAGT AAATGATATA CAAAAATTAG	3360
	TAGGAAAAAT AAATTGGGCA AGTCAATCT ATCAAGGAAT TAGAGTAAAA GAATTGTGCA	3420
	AGTTAATCAG AGGAACCAAA TCATTGACAG AGGTAGTACC TTAAAGTAAA GAGGCAGAAC	3480
50	TAGAATTAGA AGAAAACAGA GAAAAGCTAA AAGAGCCAGT ACATGGAGTA TATTACCAGC	3540
	CTGACAAAGA CTTGTGGGTT AGTATTCAGA AGCATGGAGA AGGGCAATGG ACTTACCAGG	3600

55

	TATATCAGGA TGAACATAAG AACCTTAAAA CAGGAAAATA TGCTAGGCAA AAGGCCTCCC	366C
	ACACAAATGA TATAAGACAA TTGGCAGAAG TAGTCCAGAA GGTGTCTCAA GAAGCTATAG	372C
5	TTATATGGGG GAAATTACCT AAATTCAGGC TGCCAGTTAC TAGAGAACT TGGGAACTT	378C
	GGTGGGCAGA ATATTGGCAG GCCACCTGGA TTCCTGAATG GGAATTTGTC AGCACACCCC	384C
	CATTGATCAA ATTATGGTAC CAGTTAGAAA CAGAACCCTAT TGTAGGGGCA GAAACCTTTT	390C
	ATGTAGATGG AGCAGCTAAT AGGAATACAA AACTAGGAAA GCGGGATAT GTTACAGAAC	396C
10	AAGGAAAACA GAACATAATA AAGTTAGAAG AGACAACCAA TCAAAAGGCT GAATTAATGG	402C
	CTGTATTAAT AGCCTTGCAG GATTCCAAGG AGCAAGTAAA CATAGTAAAC GACTCACAAT	408C
	ATGTATTGGG CATCATATCC TCCCAACCAA CACAGAGTGA CTCCCCTATA GTTCAGCAGA	414C
15	TAATAGAGGA ACTAACAAAA AAGGAACGAG TGTATCTTAC ATGGGTTCCCT GCTCACAAG	420C
	GCATAGGAGG AAATGAAAAA ATAGATAAAT TAGTAAGCAA AGACATTAGA AGAGTCTGT	426C
	TCCTGGAAGG AATAGATCAG GCACAAGAAG ATCATGAAAA ATATCATAGT AATTGGAGAG	432C
20	CATTAGCTAG TGACTTTGGA TTACCACCAA TAGTAGCCAA GGAAATCATT GCTAGTTGTC	438C
	CTAAATGCCA TATAAAGGGG GAAGCAACGC ATGGTCAAGT AGACTACAGC CCAGAGATAT	444C
	GGCAAATGGA TTGTACACAT TTAGAAGGCA AAATCATAAT AGTTGCTGTC CATGTAGCAA	450C
25	GTGACTTTAT AGAAGCAGAG GTGATACCAG CAGAAACAGG ACAGGAACT GCCTATTTC	456C
	TGTTAAAAAT AGCAGCAAGA TGGCCTGTCA AAGTAATACA TACAGACAAAT GGACCTAAT	462C
	TTACAAGTGC AGCCATGAAA GCTGCATGTT GGTGGACAGG CATAACAT GAGTTGGGA	468C
	TACCATATAA TCCACAAAGT CAAGGAGTAG TAGAAGCCAT GAATAAAGAA TTAATACTA	474C
30	TTATACAGCA GGTGAGGGAC CAAGCAGAGC ATTTAAAAAC AGCAGTACAA ATGGCAGTCT	480C
	TTGTTACAA TTTTAAAGA AAAGGGGGGA TTGGGGGTA CACTGCAGGG GAGAGACTAA	486C
	TAGACATACT AGCATCACA ATACAAACAA CAGAACTACA AAAACAAAT TTAATAATCA	492C
35	ACAATTTTCG GGTCTATTAC AGAGATAGCA GAGACCCTAT TTGGAAGGA CCGGCACAC	498C
	TCCTGTGGAA AGGTGAGGGG GCAGTAGTCA TACAAGATAA AGGAGACATT AAAGTGGTAC	504C
	CAAGAAGAAA GGCAAAAATA ATCAGAGATT ATGGAAAACA GATGGCAGGT ACTGATAGTA	510C
40	TGGCAATAG ACAGACAGAA AGTGAAAGCA TGGAACAGCC TGGTGAATA CCATAAATAC	516C
	ATGTCTAAGA AGGCCGCGAA CTGGCGTTAT AGGCATCATT ATGAATCCAG GAATCCAAA	522C
	GTGAGTTCCG CGGTGTATAT TCCAGTAGCA GAAGCTGATA TAGTGGTCAC CACATATTGG	528C
	GGATTAATGC CAGGGGAAAG AGAGGAACAC TTGGGACATG GGGTTAGTAT AGAATGGCAA	534C
45	TACAAGGAGT ATAAAACACA GATTGATCCT GAAACAGCAG ACAGGATGAT ACATCTGCAT	540C
	TATTTACAT GTTTTACAGA ATCAGCAATC AGGAAGGCCA TTCTAGGGCA GAGAGTGCTG	546C
	ACCAAGTGTG AATACCTGGC AGGACATAGT CAGGTAGGGA CACTACAAAT CTTAGCCTTG	552C
50	AAAGCAGTAG TGAAGTAAA AAGAAATAAG CCTCCCCTAC CCAGTGTCCA GAGATTACA	558C

55

GAAGATAGAT GGAACAAGCC CTGGAATATC AGGGACCAGC TAGGGAGCCA TTCAATGAAT 564C
 GGACACTAGA GCTCCTGGAA GAGCTGAAAG AAGAAGCAGT AAGACATTTC CCTAGCCCTT 570C
 5 GGTTACAAGC CTGTGGGCAG TACATTATG AGACTTATGG AGACAGTTGC GAAGGAGTAA 576C
 TGGCAATTAT AAGAATCTTA CAACAACATC TGTTTACCCA TTATAGAATT GGATGCCAAC 582C
 ATAGTAGAAT AGGAATTCTC CCATCTAACA CAAGAGGAAG AGGAAGAAGA AATGGATCCA 588C
 10 GTAGATCCTG AGATGCCCCC TTGGCATCAC CCTGGGAGCA AGCCCCAAC CCCTTGTAAT 594C
 AATTGCTATT GCAAAAGATG CTGCTATCAT TGCTATGTTT GTTTCACAAA GAAGGGTTTG 600C
 GGAATCTCCC ATGGCAGGAA GAAGCGAAGA AGACCAGCAG CTGCTGCAAG CTATCCAGAT 606C
 AATAAAGATC CTGTACCAGA GCAGTAAGTA ACGCTGATGC ATCAAGAGAA CCTGCTAGCC 612C
 15 TTAATAGCTT TAAGTGCTT GTGTCTTATA AATGTACTTA TATGGTTGTT TAACCTTAGA 618C
 ATTTATTTAG TGCAAGAAA ACAAGATAGA AGGGAGCAGG AAATACTGA AAGATTAAGG 624C
 AGAATAAAGG AATCAGGGA TGACAGTGAC TATGAAAGTA ATGAAGAAGA ACAACAGGAA 630C
 20 GTCATGGAGC TTATACATAG CCATGGCTTT GCTAATCCCA TGTTTGAGTT ATAGTAAACA 636C
 ATTGTATGCC ACAGTTTATT CTGGGGTACC TGTATGGGAA GAGGCAGCAC CAGTACTATT 642C
 CTGTGCTTCA GATGCTAACC TAACAAGCAC TGAACAGCAT AATATTTGGG CATCACAAGC 648C
 25 CTGCGTTTCT ACAGATCCCA ATCCACATGA ATTTCCACTA GGCAATGTGA CAGATAACTT 654C
 TGATATATGG AAAAATTACA TGGTGGACCA AATGCATGAA GACATCATT TTTGTGGGA 660C
 ACAGAGTTTA AAGCCTTGTG AGAAAATGAC TTTCTTATGT GTACAAATGA ACTGTGTAGA 666C
 TCTGCAACA AATAAACAG GCCTATTAAA TGAGACAATA AATGAGATGA GAAATTGTAG 672C
 30 TTTTAATGTA ACTACAGTCC TCACAGACAA AAAGGAGCAA AAACAGGCTC TATCTATGT 678C
 ATCAGATCTG AGTAAGGTTA ATGACTCAA TGCAATTAAT GGAACAACAT ATATGTTAAC 684C
 TAATTGTAAC TCCACAATTA TCAAGCAGGC CTGTCCGAAG GTAAGTTTGG AGCCCATTC 690C
 35 CATACTAT TGTGCTCCAA CAGGATATGC CATCTTTAAG TGTATGACA CAGACTTAA 696C
 TGGAACAGGC CTATGCCACA ATATTTAGT GGTACTTGT ACACATGGCA TCAAGCCAAC 702C
 AGTAAGTACT CAACTAATAC TGAATGGGAC ACTCTCTAGA GAAAAGATA GAATTATGGG 708C
 40 AAAAAATATT ACAGAAATCAG CAAAGAAATAT CATAGTAACC CTAAACACTC CTATAACAT 714C
 GACCTGCATA AGAGAAGGAA TTGCAGAGGT ACAAGATATA TATACAGGTC CAATGAGATG 720C
 GCGCAGTATG ACACCTAAAA GAAGTAACAA TACATCACC AGATCAAGGG TAGCTTATTG 726C
 TACATATAAT AAGACTGTAT GGGAAAATGC CCTACAACA ACAGCTATAA GGTATTTAAA 732C
 45 TCTTGTAAC CAAACAGAGA ATGTTACCAT AATATTCAGC AGAACTAGTG GTGGAGATGC 738C
 AGAAGTAAGC CATTACATT TTAACGTGCA TGGAGAATTC TTTTATTGTA ACACATCTGG 744C
 GATGTTTAA TACTTTTTA TCACTGTAC AAAGTCCGGA TGCCAGGAGA TCAAGGGAG 750C
 50 CAATGAGACC AATAAAATG GTACTATACC TTGCAAGTTA AGACAGCTAG TAAGATCATG 756C
 GATGAAGGGA GAGTCGAGAA TCTATGCACC TCCCATCCCC GGCAACTTAA CATGTCATTC 762C
 55

	CAACATAACT GGAATGATTC TACAGTTAGA TCAACCATGG AATTCCACAG GTGAAAATAC	7680
	ACTTAGACCA GTAGGGGGAG ATATGAAAGA TATATGGAGA ACTAATTGT ACAACTACRA	7740
5	AGTAGTACAG ATAAAACCTT TTAGTGTAGC ACCTACAAA ATGTCAAGAC CAATAATAAA	7800
	CATTACACC CCTCACAGG AAAAAGAGC AGTAGGATTG GGAATGCTAT TCTTGGGGGT	7860
	GCTAAGTGCA GCAGGTAGCA CTATGGGCGC AGCGGCAACA GCGCTGACGG TACGGACCCA	7920
10	CAGTGTACTG AAGGGTATAG TGCAACAGCA GGACAACCTG CTGAGAGCGA TACAGGCCCA	7980
	GCAACACTTG CTGAGGTTAT CTGTATGGGG TATTAGACAA CTCCGAGCTC GCCTGCAAGC	8040
	CTTAGAAACC CTATACAGA ATCAGCAACG CCTAAACCTA TGGGGCTGTA AAGGAAAAC	8100
15	AATCTGTTAC ACATCAGTAA AATGGAACAC ATCATGGTCA GGAAGATATA ATGATGACAG	8160
	TATTTGGGAC AACCTTACAT GGCAGCAATG GGACCAACAC ATAAACAATG TAAGCTCCAT	8220
	TATATATGAT GAAATACAAG CAGCACAAGA CCAACAGGAA AAGAATGTAA AAGCATTGTT	8280
	GGAGCTAGAT GAATGGGCCT CTCTTTGGAA TTGGTTTGAC ATAATAAAT GGTGTGGTAA	8340
20	TATAAAAATA GCTATAATCA TAGTGGGAGC ACTAATAGGT ATAAGAGTTA TTATGATAAT	8400
	ACTTAATCTA GTGAAGAACA TTAGGCAGGG ATATCAACCC CTCTCGTTGC AGATCCCTGT	8460
	CCCACACCGG CAGGAAGCAG AAACGCCAGG AAGAACAGGA GAAGAAGGTG GAGAAGGAGA	8520
25	CAGGCCCAAG TGGACAGCCT TGCCACCAGG ATTCTTGCAA CAGTTGTACA CGGATCTCAG	8580
	GACAAATAAT TTGTGGACTT ACCACCTCTT GAGCAACTTA ATATCAGGGA TCCGGAGGCT	8640
	GATCGACTAC CTGGGACTGG GACTGTGGAT CCTGGGACAA AAGACAATTG AAGCTTGTAG	8700
30	ACTTTGTGGA GCTGTAATGC AATATTGGCT ACAAGAATTG AAAAATAGTG CTACAAACCT	8760
	GCTTGATACT ATTGCAGTGT CAGTTGCCAA TTGGACTGAC GGCATCATCT TAGGTCTACA	8820
	AAGAATAGGA CAAGGATTCC TTCACATCCC AAGAAGAATT AGACAAGGTG CAGAAAGAAT	8880
35	CTTAGTGTA CATGGGGAAT GCATGGAGCA AAAGCAAATT TGCAGGATGG TCAGAAGTAA	8940
	GAGATAGAAT GAGACGATCC TCCTCTGATC CTCAACAACC ATGTGCACCT GGAGTAGGAG	9000
	CTGTCTCCAG GGAGTTAGCA ACTAGAGGGG GAATATCAAG TTCCCACACT CCTCAAAACA	9060
	ATGCAGCCCT TGCATTCTTA GACAGCCACA AAGATGAGGA TGTAGGCTTC CCAGTAAGAC	9120
40	CTCAAGTGCC TCTAAGGCCA ATGACCTTTA AAGCAGCCTT TGACCTCAGC TTCTTTTAA	9180
	AAGAAAAGGG AGGACTGGAT GGGTTAATTT ACTCCCATAA GAGAGCAGAA ATCCTGGATC	9240
	TCTGGATATA TCACACTCAG GGATTCTTCC CTGATTGGCA GTGTTACACA CCGGGACCAG	9300
45	GACCTAGATT CCCACTGACA TTTGGATGGT TGTTTAACT GGTACCAGTG TCAGCAGAAG	9360
	AGGCAGAGAG ACTGGGTAAT ACAAATGAAG ATGCTAGTCT TCTACATCCA GCTTGTAAATC	9420
	ATGGAGCTGA GGATGCACAC GGGGAGATAC TAAATGGCA GTTTGATAGA TCATTAGGCT	9480
50	TAACACATAT AGCCCTGCAA AAGCACCCAG AGCTCTTCCC CAAGTAACTG ACACTGCGGG	9540
	ACTTTCCAGA CTGCTGACAC TGCGGGGACT TTCCAGCGTG GGAGGGATAA GGGGCGGTTC	9600

55

	GGGGAGTGGC TAACCCTCAG ATGCTGCATA TAAGCAGCTG CTTCCGCTT GIACCGGGTC	9660
	TTAGTTAGAG GACCAGGTCT GAGCCCGGGA GCTCCCTGGC CTCTAGCTGA ACCCGCTGCT	9720
5	TAACGCTCAA TAAAGCTTGC CTTGAGTGAG AAGCAGTGTG TGCTCATCTG TTCAACCCTG	9780
	GTGTCTAGAG ATC	9793

10

15

20

25

30

35

40

45

50

55

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 57:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

- (A) LÄNGE: 1733 Basenpaare
 (B) ART: Nukleinsäure
 (C) STRANGFORM: Einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Genom-DNA

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 57:

AAACCTCCGA	CGCAACGGGC	TCGGCTTAGC	GGAGTGCACC	TGCTAAGAGG	CGAGAGGAAC	60
TCACAAGAGG	GTGAGTAAAT	TTGCTGGCGG	TGGCCAGACC	TAGGGGAAGG	GCGAAGTCCC	120
TAGGGGAGGA	AGATGGGTGC	GAGAGCGTCT	GTGTTGACAG	GGAGTAAATT	GGATGCATGG	180
GAACGAATTA	GGTTAAGGCC	AGGATCTAAA	AAGGCATATA	GGCTAAAACA	TTTAGTATGG	240
GCAAGCAGGG	AGCTGGAAAG	ATACGCATGT	AATCCTGGTC	TATTAGAAAC	TGCAGAAGGT	300
ACTGAGCAAC	TGCTACAGCA	GTTAGAGCCA	GCTCTCAAGA	CAGGGTCAGA	GGACCTGAAA	360
TCTCTCTGGA	ACGCAATAGC	AGTACTCTGG	TGCGTTCACA	ACAGATTTGA	CATCCGAGAT	420
ACACAGCAGG	CAATACAAAA	GTTAAAGGAA	GTAATGGCAA	GCAGGAAGTC	TGCAGAGGCC	480
GCTAAGGAAG	AAACAAGCCC	TAGGCAGACA	AGTCAAAATT	ACCCTATAGT	AACAAATGCA	540
CAGGGACAAA	TGGTACATCA	AGCCATCTCC	CCCAGGACTT	TAAATGCATG	GGTAAAGGCA	600
GTAGAAGAGA	AGGCCCTTAA	CCCTGAAATT	ATTCTATGT	TTATGGCATT	ATCAGAAGGG	660
GCTGTCCCCT	ATGATATCAA	TACCATGCTG	AATGCCATAG	GGGGACACCA	AGGGGCTTTA	720
CAAGTGTGTA	AGGAAGTAAT	CAATGAGGAA	GCAGCAGAAT	GGGATAGAAC	TCATCCACCA	780
GCAATGGGGC	CGTTACCACC	AGGGCAGATA	AGGGAACCAA	CAGGAAGTGA	CATTGCTGGA	840
ACAACCTAGCA	CACAGCAAGA	GCAAATTATA	TGGACTACTA	GAGGGGCTAA	CTCTATCCCA	900
GTAGGAGACA	TCTATAGAAA	ATGGATAGTG	CTAGGACTAA	ACAAAATGGT	AAAAATGTAC	960
AGTCCAGTGA	GCATCTTAGA	TATTAGGCAG	GGACCAAAAG	AACCATTTCAG	AGATTATGTA	1020
GATCGGTTTT	ACAAAACATT	AAGAGCTGAG	CAAGCTACTC	AAGAAGTAAA	GAATTGGATG	1080
ACAGAAACCT	TGCTTGTTCA	GAATTCAAAC	CCAGATTGTA	AACAAATTCT	GAAAGCATT	1140
GGACCAGAAG	CTACTTTAGA	AGAAATGATG	GTAGCCTGTC	AAGGAGTAGG	AGGGCCAAC	1200
CACAAGGCAA	AAATACTAGC	AGAAGCAATG	GCTTCTGCCC	AGCAAGATTT	AAAAGGAGGA	1260
TACACAGCAG	TATTCATGCA	AAGAGGGCAG	AATCCAAATA	GAAAAGGGCC	CATAAAATGC	1320
TTCAATTGTG	GAAAAGAGGG	ACATATAGCA	AAAAACTGTC	GAGCACCTAG	AAAAAGGGGT	1380
TGCTGGAAAT	GTGGACAGGA	AGGTCACCAA	ATGAAAGATT	GCAAAAATGG	AAGACAGGCA	1440
AATTTTTTAG	GGAAGTACTG	GCCTCCGGGG	GGCAGGAGGC	CAGGCAATTA	TGTGCAGAAA	1500
CAAGTGTCCT	CATCAGCCCC	ACCAATGGAG	GAGGCAGTGA	AGGAACAAGA	GAATCAGAGT	1560

	CAGAAGGGGG ATCAGGAAGA GCTGTACCCA TTTGCCTCCC TCAAATCCCT CTTTGGGACA	1620
	GACCAATAGT CACAGCAAAG GTTGGGGGTC ATCTATGTGA GGCTTTACTG GATAAGGGG	1680
5	CAGATGATAC AGTATTAAAT AACATACAAT TAGAAGGAAG ATGGACACCA AAX	1733
10		
15		
20		
25		
30		
35		
40		
45		
50		
55		

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 58:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

- (A) LÄNGE: 1733 Basenpaare
 (B) ART: Nukleinsäure
 (C) STRANGFORM: Einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Genom-DNA

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 58:

5	AAACCTCCAA CGCAACGGGC TCGGCTTAGC GGAGTGCACC TGCTAAGAGG CGAGAGGAAC	60
	TCACAAGAGG GTGAGTAAAT TTGCTGGCGG TGGCCAGACC TAGGGGAAGG GCGAAGTCCC	120
15	TAGGGGAGGA AGATGGGTGC GAGACGGTCT GTGTTGACAG GGAGTAAATT GGATGCATGG	180
	GAACGAATTA GGTTAAGGCC AGGATCTAAA AAGGCATATA GGCTAAAACA TTTAGTATGG	240
	GCAAGCAGGG AGCTGGAAAG ATACGCATAT AATCCTGGTC TACTAGAAAC TGCAGAAGGT	300
20	ACTGAACAAC TGCTACAGCA GTTAGAGCCA GCTCTCAAGA CAGGGTCAGA GGACCTGAAA	360
	TCCCTCTGGA ACGCAATAGC AGTACTCTGG TCGGTTTACA ACAGATTTGA CATCCGAGAT	420
	ACACAGCAGG CAATACAAAA GTTAAAGGAA GTAAATGGCAA GCAGGAAGTC TGCAGAGGCC	480
25	GCTAAGGAAG AAACAAGCTC AAGGCAGGCA AGTCAAAATT ACCCTATAGT AACAAATGCA	540
	CAGGGACAAA TGGTACATCA AGCCATATCC CCTAGGACTT TAAATGCATG GGTAAAGGCA	600
	GTAGAAGAAA AGGCCCTTAA CCCTGAAATT ATTCCATGTG TTATGGCATT ATCAGAAGGG	660
30	GCTGTCCCCT ATGATATCAA TACCATGCTG AATGCCATAG GGGGACACCA AGGGGCTTTA	720
	CAAGTGTGTA AGGAAGTAAT CAATGAGGAA GCAGCAGATT GGGATAGAAC TCATCCACCA	780
	GCAATGGGGC CGTTACCACC AGGGCAGATA AGGGAACCAA CAGGAAGTGA CATTGCTGGA	840
35	ACAACCTAGCA CACAGCAAGA GCAAAATTATA TGGACTACTA GAGGGGCTAA CTCTATCCCA	900
	GTAGGAGACA TCTATAGAAA ATGGATAGTG TTAGGACTAA ACAAATGGT AAAAAATGTAC	960
	AGTCCAGTGA GCATCTTAGA TATTAGGCAG GGACCAAAAG AACCATTGAG AGATTATGTA	1020
	GATCGGTTTT ACAAACATT AAGAGCTGAG CAAGCTACTC AAGAAGTAAA GAATTGGATG	1080
40	ACAGAAACCC TCGTTGTTCA GAATTCAAAC CCAGATTGTA AACAAATTCT GAAAGCATTA	1140
	GGACCAGGAG CTACTTTAGA AGAAATGATG GTAGCCTGTC AAGGAGTAGG AGGGCCAACT	1200
	CACAAGGCAA AAATACTAGC AGAAGCAATG GCTTCTGCCC AGCAAGATTT AAAGGGAGGA	1260
45	TACACAGCAG TATTGATGCA AAGAGGGCAG AATCCAAATA GAAAAGGGCC TATAAAATGT	1320
	TTCAATTGTG GAAAAGAGGG ACATATAGCA AAAAAGTCTC GAGCACCTAG AAGAAGGGGT	1380
	TACTGGAAAT GTGGACAGGA AGGTCACCAA ATGAAAGATT GCAAAAATGG AAGACAGGCT	1440
50	ATTTTTTTAG GGAAGTACTG GCCTCCGGGG GGCACGAGGC CAGCCAATTA TGTGCAGAAA	1500
	CAAGTGTCCC CATCAGCCCC ACCAATGGAG GAGGCAGTGA AGGAACAAGA GAATCAGAAT	1560

55

CAAAAGGGGG ATCAGGAAGA GCTGTACCCA TTGCTCCC TCAATCCCT CTTGGGACA 1620
 GACCAATAGT CACAGCAAAG GTTGGGGGCC ATCTATGTGA GGTTTACTG GATACAGGGG 1680
 CAGATGATAC AGTATTAAAT AACATACAAT TAGAAGGAAG ATGGACACCC AAA 1733

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 59:

10

- (i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:
 (A) LÄNGE: 498 Aminosäuren
 (B) ART: Aminosäure
 (C) STRANGFORM: Einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

15

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

(v) ART DES FRAGMENTS: inneres

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 59:

20

Met Gly Ala Arg Ala Ser Val Leu Thr Gly Ser Lys Leu Asp Ala Trp
 1 5 10 15

Glu Arg Ile Arg Leu Arg Pro Gly Ser Lys Lys Ala Tyr Arg Leu Lys
 20 25 30

25

His Leu Val Trp Ala Ser Arg Glu Leu Glu Arg Tyr Ala Cys Asn Pro
 35 40 45

Gly Leu Leu Glu Thr Ala Glu Gly Thr Glu Gln Leu Leu Gln Gln Leu
 50 55 60

30

Glu Pro Ala Leu Lys Thr Gly Ser Glu Asp Leu Lys Ser Leu Trp Asn
 65 70 75 80

Ala Ile Ala Val Leu Trp Cys Val His Asn Arg Phe Asp Ile Arg Asp
 85 90 95

35

Thr Gln Gln Ala Ile Gln Lys Leu Lys Glu Val Met Ala Ser Arg Lys
 100 105 110

Ser Ala Glu Ala Ala Lys Glu Glu Thr Ser Pro Arg Gln Thr Ser Gln
 115 120 125

Asn Tyr Pro Ile Val Thr Asn Ala Gln Gly Gln Met Val His Gln Ala
 130 135 140

40

Ile Ser Pro Arg Thr Leu Asn Ala Trp Val Lys Ala Val Glu Glu Lys
 145 150 155 160

Ala Phe Asn Pro Glu Ile Ile Pro Met Phe Met Ala Leu Ser Glu Gly
 165 170 175

45

Ala Val Pro Tyr Asp Ile Asn Thr Met Leu Asn Ala Ile Gly Gly His
 180 185 190

Gln Gly Ala Leu Gln Val Leu Lys Glu Val Ile Asn Glu Glu Ala Ala
 195 200 205

50

Glu Trp Asp Arg Thr His Pro Pro Ala Met Gly Pro Leu Pro Pro Gly
 210 215 220

Gln Ile Arg Glu Pro Thr Gly Ser Asp Ile Ala Gly Thr Thr Ser Thr
 225 230 235 240

55

Gln Gln Glu Gln Ile Ile Trp Thr Thr Arg Gly Ala Asn Ser Ile Pro
 245 250 255

Val Gly Asp Ile Tyr Arg Lys Trp Ile Val Leu Gly Leu Asn Lys Met
 260 265 270

Val Lys Met Tyr Ser Pro Val Ser Ile Leu Asp Ile Arg Gln Gly Pro
 275 280 285
 5 Lys Glu Pro Phe Arg Asp Tyr Val Asp Arg Phe Tyr Lys Thr Leu Arg
 290 295 300
 Ala Glu Gln Ala Thr Gln Glu Val Lys Asn Trp Met Thr Glu Thr Leu
 305 310 315 320
 10 Leu Val Gln Asn Ser Asn Pro Asp Cys Lys Gln Ile Leu Lys Ala Leu
 325 330 335
 Gly Pro Glu Ala Thr Leu Glu Glu Met Met Val Ala Cys Gln Gly Val
 340 345 350
 15 Gly Gly Pro Thr His Lys Ala Lys Ile Leu Ala Glu Ala Met Ala Ser
 355 360 365
 Ala Gln Gln Asp Leu Lys Gly Gly Tyr Thr Ala Val Phe Met Gln Arg
 370 375 380
 20 Gly Gln Asn Pro Asn Arg Lys Gly Pro Ile Lys Cys Phe Asn Cys Gly
 385 390 395 400
 25 Lys Glu Gly His Ile Ala Lys Asn Cys Arg Ala Pro Arg Lys Arg Gly
 405 410 415
 Cys Trp Lys Cys Gly Gln Glu Gly His Gln Met Lys Asp Cys Lys Asn
 420 425 430
 30 Gly Arg Gln Ala Asn Phe Leu Gly Lys Tyr Trp Pro Pro Gly Gly Thr
 435 440 445
 Arg Pro Gly Asn Tyr Val Gln Lys Gln Val Ser Pro Ser Ala Pro Pro
 450 455 460
 35 Met Glu Glu Ala Val Lys Glu Gln Glu Asn Gln Ser Gln Lys Gly Asp
 465 470 475 480
 40 Gln Glu Glu Leu Tyr Pro Phe Ala Ser Leu Lys Ser Leu Phe Gly Thr
 485 490 495
 Asp Gln

(2) INFORMATION ZU SEQ ID NO: 60:

(i) SEQUENZ CHARAKTERISTIKA:

- (A) LÄNGE: 498 Aminosäuren
 (B) ART: Aminosäure
 (C) STRANGFORM: Einzel
 (D) TOPOLOGIE: linear

(ii) ART DES MOLEKÜLS: Protein

(v) ART DES FRAGMENTS: inneres

(xi) SEQUENZBESCHREIBUNG: SEQ ID NO: 60:

Met Gly Ala Arg Arg Ser Val Leu Thr Gly Ser Lys Leu Asp Ala Trp
 1 5 10 15
 Glu Arg Ile Arg Leu Arg Pro Gly Ser Lys Lys Ala Tyr Arg Leu Lys
 20 25 30
 His Leu Val Trp Ala Ser Arg Glu Leu Glu Arg Tyr Ala Tyr Asn Pro
 35 40 45
 Gly Leu Leu Glu Thr Ala Glu Gly Thr Glu Gln Leu Leu Gln Gln Leu
 50 55 60
 Glu Pro Ala Leu Lys Thr Gly Ser Glu Asp Leu Lys Ser Leu Trp Asn
 65 70 75 80
 Ala Ile Ala Val Leu Trp Cys Val His Asn Arg Phe Asp Ile Arg Asp
 85 90 95
 Thr Gln Gln Ala Ile Gln Lys Leu Lys Glu Val Met Ala Ser Arg Lys
 100 105 110
 Ser Ala Glu Ala Ala Lys Glu Glu Thr Ser Ser Thr Gln Ala Ser Gln
 115 120 125
 Asn Tyr Pro Ile Val Thr Asn Ala Gln Gly Gln Met Val His Gln Ala
 130 135 140
 Ile Ser Pro Arg Thr Leu Asn Ala Trp Val Lys Ala Val Glu Glu Lys
 145 150 155 160
 Ala Phe Asn Pro Glu Ile Ile Pro Met Phe Met Ala Leu Ser Glu Gly
 165 170 175
 Ala Val Pro Tyr Asp Ile Asn Thr Met Leu Asn Ala Ile Gly Gly His
 180 185 190
 Gln Gly Ala Leu Gln Val Leu Lys Glu Val Ile Asn Glu Glu Ala Ala
 195 200 205
 Asp Trp Asp Arg Thr His Pro Pro Ala Met Gly Pro Leu Pro Pro Gly
 210 215 220
 Gln Ile Arg Glu Pro Thr Gly Ser Asp Ile Ala Gly Thr Thr Ser Thr
 225 230 235 240
 Gln Gln Glu Gln Ile Ile Trp Thr Thr Arg Gly Ala Asn Ser Ile Pro
 245 250 255
 Val Gly Asp Ile Tyr Arg Lys Trp Ile Val Leu Gly Leu Asn Lys Met
 260 265 270

Val Lys Met Tyr Ser Pro Val Ser Ile Leu Asp Ile Arg Gln Gly Pro
 275 280 285
 5 Lys Glu Pro Phe Arg Asp Tyr Val Asp Arg Phe Tyr Lys Thr Leu Arg
 290 295 300
 Ala Glu Gln Ala Thr Gln Glu Val Lys Asn Trp Met Thr Glu Thr Leu
 305 310 315 320
 10 Val Val Gln Asn Ser Asn Pro Asp Cys Lys Gln Ile Leu Lys Ala Leu
 325 330 335
 Gly Pro Gly Ala Thr Leu Glu Glu Met Met Val Ala Cys Gln Gly Val
 340 345 350
 15 Gly Gly Pro Thr His Lys Ala Lys Ile Leu Ala Glu Ala Met Ala Ser
 355 360 365
 Ala Gln Gln Asp Leu Lys Gly Gly Tyr Thr Ala Val Phe Met Gln Arg
 370 375 380
 20 Gly Gln Asn Pro Asn Arg Lys Gly Pro Ile Lys Cys Phe Asn Cys Gly
 385 390 395 400
 25 Lys Glu Gly His Ile Ala Lys Asn Cys Arg Ala Pro Arg Arg Arg Gly
 405 410 415
 Tyr Trp Lys Cys Gly Gln Glu Gly His Gln Met Lys Asp Cys Lys Asn
 420 425 430
 30 Gly Arg Gln Ala Asn Phe Leu Gly Lys Tyr Trp Pro Pro Gly Gly Thr
 435 440 445
 Arg Pro Ala Asn Tyr Val Gln Lys Gln Val Ser Pro Ser Ala Pro Pro
 450 455 460
 35 Met Glu Glu Ala Val Lys Glu Gln Glu Asn Gln Asn Gln Lys Gly Asp
 465 470 475 480
 40 Gln Glu Glu Leu Tyr Pro Phe Ala Ser Leu Lys Ser Leu Phe Gly Thr
 485 490 495
 Asp Gln

45 Patentansprüche

1. Immunschwäche-Virus der HIV-Gruppe oder Varianten dieses Virus, das die wesentlichen morphologischen und immunologischen Eigenschaften des bei der European Collection of Animal Cell Cultures
 50 (ECACC) unter der Nr. V 920 92 318 hinterlegten Retrovirus mit der Bezeichnung MVP-5180/91 aufweist.
2. Immunschwäche-Virus nach Anspruch 1, dadurch gekennzeichnet, daß es eine der Reversen Transkriptase entsprechende Proteinbande im Western Blot aufweist, die 3-7 Kilodalton kleiner ist als die
 55 entsprechende Bande der Viren HIV-1 und/oder HIV-2.
3. Immunschwäche-Virus nach einem der Ansprüche 1 oder 2, dadurch gekennzeichnet, daß dieses Retrovirus mit einem gegen das Protein p 24 gerichteten monoklonalen Antikörper weniger Reaktivität

aufweist, bezogen auf die Reverse Transkriptase-Aktivität, als das Virus HIV-1 und mehr Aktivität, bezogen auf die Aktivität der Reversen Transkriptase, als HIV-2.

4. Immunschwäche-Virus nach einem der vorhergehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, daß mit seinem Transmembranprotein gp 41 Antigen-Antikörperreaktionen gut nachweisbar sind mit Seren von aus Afrika stammenden Patienten und, daß mit dem gp 41 nur eine geringer oder keine Antigen-Antikörperreaktion mit Seren von aus Deutschland stammenden Patienten nachgewiesen werden kann.
5. Immunschwäche-Virus nach einem der obengenannten Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, daß es eine RNA-Sequenz aufweist, die mit der RNA des hinterlegten Virus zu etwa 75 % oder mehr, bezogen auf das Gesamtgenom, homolog ist.
6. Immunschwäche-Virus nach einem der oben genannten Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, daß es eine RNA-Sequenz aufweist, die zu der RNA-Sequenz von Tabelle 1 zu wenigstens 75 % homolog ist.
7. Immunschwäche-Virus nach einem der Ansprüche 1 bis 5, dadurch gekennzeichnet, daß es eine Nucleotid-Sequenz aufweist, die zu der Sequenz von Tabelle 3 oder Teilen davon zu wenigstens 75 % homolog ist.
8. Immunschwäche-Virus nach Anspruch 7, dadurch gekennzeichnet, daß der Teil der Sequenz wenigstens 50 Nucleotide lang ist.
9. Immunschwäche-Virus nach einem der vorhergehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, daß es eine Sequenz oder Teilsequenz aufweist, die der Fig. 4 entspricht oder zu dieser Sequenz homolog ist, wobei die Unterschiede zu der in Fig. 4 angegebenen Sequenz bezogen auf die Genorte höchstens betragen: LTR: 17 %, GAG: 29 %, POL: 25 %, VIF: 31 %, ENV: 46 %, NEF: 16 %.
10. Immunschwäche-Virus nach einem der vorhergehenden Ansprüche, dadurch gekennzeichnet, daß es eine Sequenz oder Teilsequenz aufweist, die der Fig. 4 entspricht oder zu dieser Sequenz homolog ist, wobei die Unterschiede zu der in Fig. 4 angegebenen Sequenz bezogen auf die Genorte höchstens betragen: LTR: 10 %, GAG: 14 %, POL: 12 %, VIF: 15 %, ENV: 22 %, NEF: 10 %.
11. cDNA, die komplementär ist zu der RNA oder Teilen davon, des bei der European Collection of Animal Cell Cultures (ECACC) unter der Nr. V 920 92 318 hinterlegten Immunschwäche-Virus MVP-5180/81 oder eines Virus gemäß einem der Ansprüche 1-10.
12. Rekombinante DNA, dadurch gekennzeichnet, daß sie cDNA gemäß Anspruch 11 enthält.
13. Antigen, das unter Verwendung der cDNA gemäß Anspruch 11 oder der rekombinanten DNA gemäß Anspruch 12 hergestellt wurde oder unter Verwendung der Aminosäurenstruktur, die aus seiner cDNA abgeleitet werden kann.
14. Antigen nach Anspruch 13, dadurch gekennzeichnet, daß es ein Protein oder Peptid ist.
15. Antigen nach einem der Ansprüche 13 oder 14, dadurch gekennzeichnet, daß es eine Aminosäuresequenz aufweist, die der Tabelle 3 oder einer Teilsequenz davon entspricht.
16. Antigen nach Anspruch 15, dadurch gekennzeichnet, daß die Teilsequenz wenigstens 10 Aminosäuren aufweist.
17. Antigen nach Anspruch 15, dadurch gekennzeichnet, daß es die Aminosäuresequenz RLQALET-LIQNQRLNLWGCKGKLCYTSVKWNTS oder eine Teilsequenz davon mit wenigstens 8 aufeinanderfolgenden Aminosäuren aufweist.
18. Antigen, das aus einem Immunschwäche-Virus gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10 hergestellt wurde.
19. Antigen nach einem der Ansprüche 13 bis 18, dadurch gekennzeichnet, daß es rekombinant hergestellt wurde.

20. Antigen nach einem der Ansprüche 13 bis 17, dadurch gekennzeichnet, daß es synthetisch hergestellt wurde.
- 5 21. Testkit zum Nachweis von Antikörpern gegen Immunschwäche verursachende Viren, dadurch gekennzeichnet, daß Antigen gemäß den Ansprüchen 13 bis 20 eingesetzt wird.
22. Testkit gemäß Anspruch 21, dadurch gekennzeichnet, daß es ein Western Blot ist.
- 10 23. Testkit gemäß Anspruch 21, dadurch gekennzeichnet, daß es ein ELISA-Test ist oder ein Fluoreszenz-Antikörper Nachweistest ist.
24. Verwendung des Immunschwäche-Virus gemäß einem der Ansprüche 1 bis 10 und/oder der cDNA gemäß Anspruch 11 oder 12 und/oder eines Antigens gemäß den Ansprüchen 13 bis 20 zum Nachweis von Retroviren, die Immunschwäche verursachen.
- 15 25. Verwendung eines Retrovirus nach einem der Ansprüche 1 bis 10, einer cDNA gemäß Anspruch 11 oder 12 und/oder eines Antigens gemäß den Ansprüchen 13 bis 20 zur Herstellung von Impfstoffen.
- 20 26. Ribonukleinsäure, dadurch gekennzeichnet, daß sie für ein Immunschwäche-Virus nach einem der Ansprüche 1 bis 10 kodiert.

25

30

35

40

45

50

55

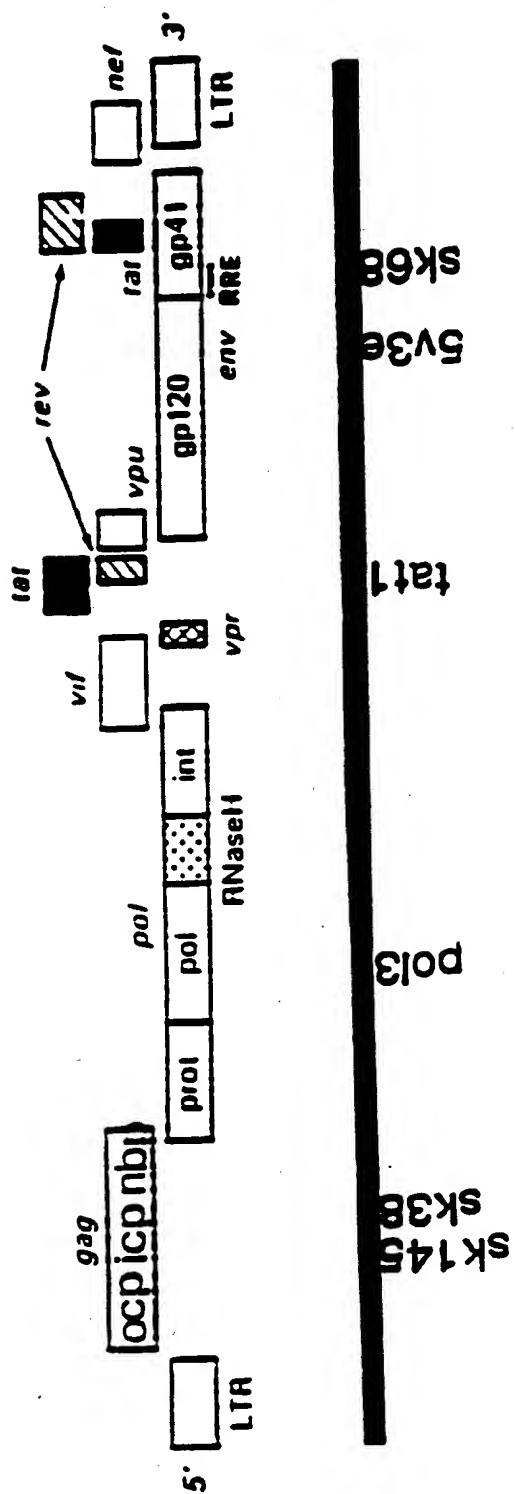


FIG.1

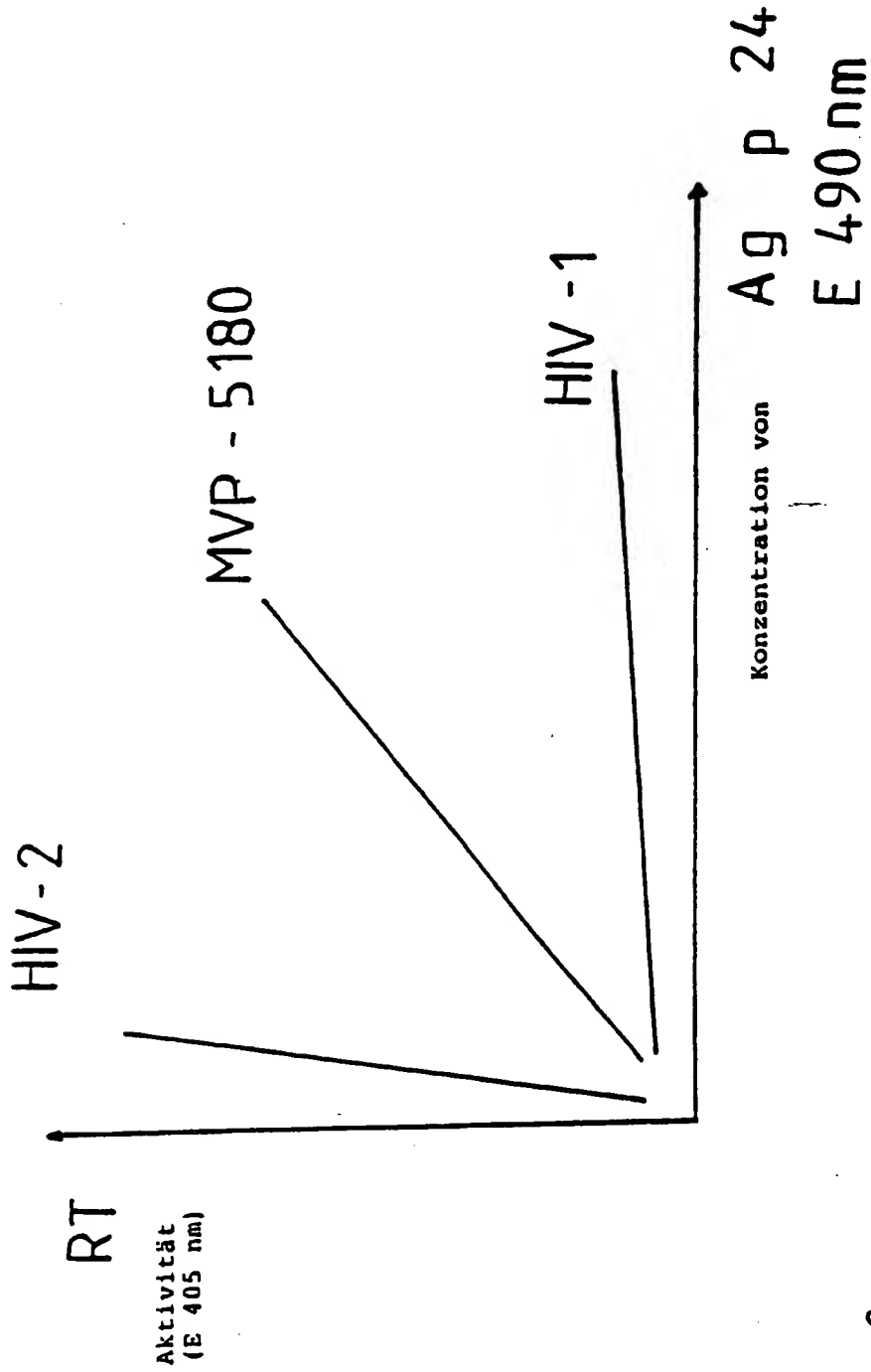


Fig. 2

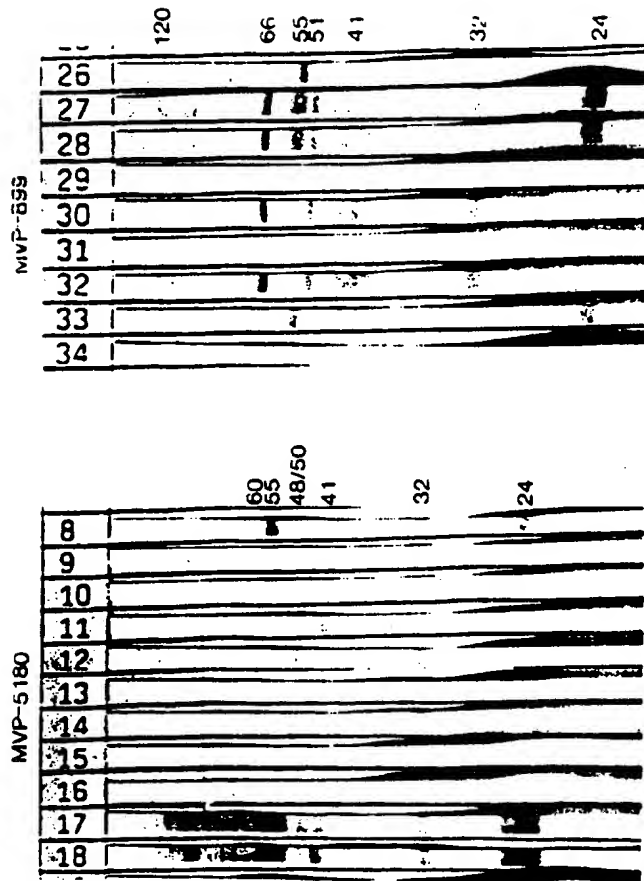


FIG. 3

Fig. 4: Sequenz von MvP 5180 (Sequ. ID No. 56)

```

1  CTGGATGGGT TAATTTACTC CCATAAGAGA GCAGAAATCC TGGATCTCTG
51  GATATATCAC ACTCAGGGAT TCTTCCCTGA TTGGCAGTGT TACACACCGG
101 GACCAGGACC TAGATTCCCA CTGACATTTG GATGGTTGTT TAAACTGGTA
151 CCAGTGTGAG CAGAAGAGGC AGAGAGACTG GGTAATACAA ATGAAGATGC
201 TAGTCTTCTA CATCCAGCTT GTAATCATGG AGCTGAGGAT GCACACGGGG
251 AGATACTAAA ATGGCAGTTT GATAGATCAT TAGGCTTAAC ACATATAGCC
301 CTGCAAAAGC ACCCAGAGCT CTTCCCCAAG TAACTGACAC TGCGGGACTT
351 TCCAGACTGC TGACACTGCG GGGACTTTCC AGCGTGGGAG GGATAAGGGG
401 CGGTTCTGGG AGTGGCTAAC CCTCAGATGC TGCATATAAG CAGCTGCTTT
451 CCGCTTGTA CCGGTCTTAG TTAGAGGACC AGGTCTGAGC CCGGGAGCTC
501 CCTGGCCTCT AGCTGAACCC GCTGCTTAAC GCTCAATAAA GCTTGCCTTG
551 AGTGAGAAGC AGTGTGTGCT CATCTGTTCA ACCCTGGTGT CTAGAGATCC
601 CTCAGATCAC TTAGACTGAA GCAGAAAATC TCTAGCAGTG GCGCCCGAAC
651 AGGGACGCGA AAGTGAAAGT GGAACCAGGG AAGAAAACCT CCGACGCAAC
701 GGGCTCGGCT TAGCGGAGTG CACCTGCTAA GAGGCGAGAG GAACTCACAA
751 GAGGGTGAGT AAATTTGCTG GCGGTGGCCA GACCTAGGGG AAGGGCGAAG
801 TCCCTAGGGG AGGAAGATGG GTGCGAGAGC GTCTGTGTTG ACAGGGAGTA
851 AATTGGATGC ATGGGAACGA ATTAGGTAA GGCCAGGATC TAAAAAGGCA
901 TATAGGCTAA AACATTTAGT ATGGGCAAGC AGGGAGCTGG AAAGATACGC
951 ATGTAATCCT GGTCTATTAG AACTGCAGA AGGTACTGAG CAACTGCTAC
1001 AGCAGTTAGA GCCAGCTCTC AAGACAGGGT CAGAGGACCT GAAATCTCTC
1051 TGGAACGCAA TAGCAGTACT CTGGTGCGTT CACAACAGAT TTGACATCCG
1101 AGATACACAG CAGGCAATAC AAAAGTTAAA GGAAGTAATG GCAAGCAGGA
1151 AGTCTGCAGA GGCCGCTAAG GAAGAAACAA GCCCTAGGCA GACAAGTCAA
1201 AATTACCCTA TAGTAACAAA TGCACAGGGA CAAATGGTAC ATCAAGCCAT

```

1251 CTCCCCCAGG ACTTTAAATG CATGGGTAAA GGCAGTAGAA GAGAAGGCCT
1301 TTAACCCTGA AATTATTCCT ATGTTTATGG CATTATCAGA AGGGGCTGTC
1351 CCCTATGATA TCAATACCAT GCTGAATGCC ATAGGGGGAC ACCAAGGGGC
1401 TTTACAAGTG TTGAAGGAAG TAATCAATGA GGAAGCAGCA GAATGGGATA
1451 GAACTCATCC ACCAGCAATG GGGCCGTTAC CACCAGGGCA GATAAGGGAA
1501 CCAACAGGAA GTGACATTGC TGAACAACCT AGCACACAGC AAGAGCAAAT
1551 TATATGGACT ACTAGAGGGG CTAACCTCTAT CCCAGTAGGA GACATCTATA
1601 GAAAATGGAT AGTGCTAGGA CTAAACAAAA TGGTAAAAAT GTACAGTCCA
1651 GTGAGCATCT TAGATATTAG GCAGGGACCA AAAGAACCAT TCAGAGATTA
1701 TGTAGATCGG TTTTACAAAA CATTAAAGAGC TGAGCAAGCT ACTCAAGAAG
1751 TAAAGAATTG GATGACAGAA ACCTTGCTTG TTCAGAATTC AAACCCAGAT
1801 TGTAACAAAA TTCTGAAAGC ATTAGGACCA GAAGCTACTT TAGAAGAAAT
1851 GATGGTAGCC TGTCAAGGAG TAGGAGGGCC AACTCACAAG GCAAAAATAC
1901 TAGCAGAAGC AATGGCTTCT GCCCAGCAAG ATTTAAAAGG AGGATACACA
1951 GCAGTATTCA TGCAAAGAGG GCAGAATCCA AATAGAAAAG GGCCCATAAA
2001 ATGCTTCAAT TGTGGAAAAG AGGGACATAT AGCAAAAAAC TGTCGAGCAC
2051 CTAGAAAAAG GGGTTGCTGG AAATGTGGAC AGGAAGGTCA CCAAATGAAA
2101 GATTGCAAAA ATGGAAGACA GGCAAATTTT TTAGGGAAGT ACTGGCCTCC
2151 GGGGGGCACG AGGCCAGGCA ATTATGTGCA GAAACAAGTG TCCCCATCAG
2201 CCCCACCAAT GGAGGAGGCA GTGAAGGAAC AAGAGAATCA GAGTCAGAAG
2251 GGGGATCAGG AAGAGCTGTA CCCATTTGCC TCCCTCAAAT CCCTCTTTGG
2301 GACAGACCAA TAGTCACAGC AAAGGTTGGG GGTCTCTAT GTGAGGCTTT
2351 ACTGGATACA GGGGCAGATG ATACAGTATT AAATAACATA CAATTAGAAG
2401 GAAGATGGAC ACCAAAAATG ATAGGGGGTA TAGGAGGCTT TATAAAAGTA
2451 AAAGAGTATA ACAATGTGAC AGTAGAAGTA CAAGGAAAGG AAGTACAGGG
2501 AACAGTATTG GTGGGACCTA CTCCTGTAA TATTCTTGGG AGAAACATAT
2551 TGACAGGATT AGGATGTACA CTAAATTTCC CTATAAGTCC CATAGCCCCA

2601 GTGCCAGTAA AGCTAAAACC AGGAATGGAT GGACCAAAAG TAAAACAATG
2651 GCCCCTATCT AGAGAGAAAA TAGAAGCACT AACTGCAATA TGTCAAGAAA
2701 TGGAACAGGA AGGAAAAATC TCAAGAATAG GACCTGAAAA TCCTTATAAT
2751 ACACCTATTT TTGCTATAAA AAAGAAAGAT AGCACTAAGT GGAGAAAATT
2801 GGTAGACTTC AGAGAATTAA ATAAAAGAAC ACAAGATTTC TGGGAGGTGC
2851 AATTAGGTAT TCCACATCCA GGGGGTTTAA AGCAAAGGCA ATCTGTTACA
2901 GTCTTAGATG TAGGAGATGC TTATTTCTCA TGCCCTTTAG ATCCAGACTT
2951 TAGAAAATAC ACTGCCTTCA CTATTCCTAG TGTGAACAAT GAGACCCAG
3001 GAGTAAGATA CCAGTACAAT GTCCTCCCGC AAGGGTGGAA AGGTTACCA
3051 GCCATATTTT AGAGTTCAAT GACAAAGATT CTAGATCCAT TTAGAAAAAG
3101 CAACCCAGAA GTAGAAATTT ATCAGTACAT AGATGACTTA TATGTAGGAT
3151 CAGATTTACC ATTGGCAGAA CATAGAAAGA GGGTCGAATT GCTTAGGGAA
3201 CATTTATATC AGTGGGGATT TACTACCCCT GATAAAAAGC ATCAGAAGGA
3251 ACCTCCCTTT TTATGGATGG GATATGAGCT CCACCCAGAC AAGTGGACAG
3301 TACAGCCCAT CCAATTGCCT GACAAAGAAG TGTGGACAGT AAATGATATA
3351 CAAAAATTAG TAGGAAAATT AAATTGGGCA AGTCAAATCT ATCAAGGAAT
3401 TAGAGTAAAA GAATTGTGCA AGTTAATCAG AGGAACCAAA TCATTGACAG
3451 AGGTAGTACC TTTAAGTAAA GAGGCAGAAC TAGAATTAGA AGAAAACAGA
3501 GAAAAGCTAA AAGAGCCAGT ACATGGAGTA TATTACCAGC CTGACAAAGA
3551 CTTGTGGGTT AGTATTCAGA AGCATGGAGA AGGGCAATGG ACTTACCAGG
3601 TATATCAGGA TGAACATAAG AACCTTAAAA CAGGAAAATA TGCTAGGCAA
3651 AAGGCCTCCC ACACAAATGA TATAAGACAA TTGGCAGAAG TAGTCCAGAA
3701 GGTGTCTCAA GAAGCTATAG TTATATGGGG GAAATTACCT AAATTCAGGC
3751 TGCCAGTTAC TAGAGAAACT TGGGAACTT GGTGGGCAGA ATATTGGCAG
3801 GCCACCTGGA TTCCTGAATG GGAATTTGTC AGCACACCCC CATTGATCAA
3851 ATTATGGTAC CAGTTAGAAA CAGAACCCTAT TGTAGGGGCA GAAACCTTTT
3901 ATGTAGATGG AGCAGCTAAT AGGAATACAA AACTAGGAAA GGCGGGATAT

3951 GTTACAGAAC AAGGAAAACA GAACATAATA AAGTTAGAAG AGACAACCAA
 4001 TCAAAAGGCT GAATTAATGG CTGTATTAAT AGCCTTGCG GATTCCAAGG
 4051 AGCAAGTAAA CATAGTAACA GACTCACAAT ATGTATTGGG CATCATATCC
 4101 TCCCAACCAA CACAGAGTGA CTCCCCTATA GTTCAGCAGA TAATAGAGGA
 4151 ACTAACAAAA AAGGAACGAG TGTATCTTAC ATGGGTTTCCT GCTCACAAAG
 4201 GCATAGGAGG AAATGAAAAA ATAGATAAAT TAGTAAGCAA AGACATTAGA
 4251 AGAGTCCTGT TCCTGGAAGG AATAGATCAG GCACAAGAAG ATCATGAAAA
 4301 ATATCATAGT AATTGGAGAG CATTAGCTAG TGACTTTGGA TTACCACCAA
 4351 TAGTAGCCAA GGAAATCATT GCTAGTTGTC CTAAATGCCA TATAAAAGGG
 4401 GAAGCAACGC ATGGTCAAGT AGACTACAGC CCAGAGATAT GGCAAATGGA
 4451 TTGTACACAT TTAGAAGGCA AAATCATAAT AGTTGCTGTC CATGTAGCAA
 4501 GTGACTTTAT AGAAGCAGAG GTGATACCAG CAGAAACAGG ACAGGAAACT
 4551 GCCTATTTCC TGTTAAAATT AGCAGCAAGA TGGCCTGTCA AAGTAATACA
 4601 TACAGACAAT GGACCTAATT TTACAAGTGC AGCCATGAAA GCTGCGTGT
 4651 GGTGGACAGG CATAACAACAT GAGTTTGGGA TACCATATAA TCCACAAAGT
 4701 CAAGGAGTAG TAGAAGCCAT GAATAAAGAA TTAAAATCTA TTATACAGCA
 4751 GGTGAGGGAC CAAGCAGAGC ATTTAAAAAC AGCAGTACAA ATGGCAGTCT
 4801 TTGTTACAAA TTTTAAAAGA AAAGGGGGGA TTGGGGGGTA CACTGCAGGG
 4851 GAGAGACTAA TAGACATACT AGCATCACAA ATACAAACAA CAGAACTACA
 4901 AAAACAAATT TTAAAAATCA ACAATTTTCG GGTCTATTAC AGAGATAGCA
 4951 GAGACCCTAT TTGGAAAGGA CCGGCACAAC TCCTGTGGAA AGGTGAGGGG
 5001 GCAGTAGTCA TACAAGATAA AGGAGACATT AAAGTGGTAC CAAGAAGAAA
 5051 GGCAAAAATA ATCAGAGATT ATGGAAAACA GATGGCAGGT ACTGATAGTA
 5101 TGGCAAATAG ACAGACAGAA AGTGAAAGCA TGGAACAGCC TGGTGAAATA
 5151 CCATAAATAC ATGTCTAAGA AGGCCCGGAA CTGGCGTTAT AGGCATCATT
 5201 ATGAATCCAG GAATCCAAAA GTCAGTTCGG CCGTGTATAT TCCAGTAGCA
 5251 GAAGCTGATA TAGTGGTCAC CACATATTGG GGATTAATGC CAGGGGAAAG

5301 AGAGGAACAC TTGGGACATG GGGTTAGTAT AGAATGGCAA TACAAGGAGT
 5351 ATAAAACACA GATTGATCCT GAAACAGCAG ACAGGATGAT ACATCTGCAT
 5401 TATTTACAT GTTTTACAGA ATCAGCAATC AGGAAGGCCA TTCTAGGGCA
 5451 GAGAGTGCTG ACCAAGTGTG AATACCTGGC AGGACATAGT CAGGTAGGGA
 5501 CACTACAATT CTTAGCCTTG AAAGCAGTAG TGAAAGTAAA AAGAAATAAG
 5551 CCTCCCCTAC CCAGTGTCCA GAGATTAACA GAAGATAGAT GGAACAAGCC
 5601 CTGGAAAATC AGGGACCAGC TAGGGAGCCA TTCAATGAAT GGACACTAGA
 5651 GCTCCTGGAA GAGCTGAAAG AAGAAGCAGT AAGACATTTT CCTAGGCCTT
 5701 GGTTACAAGC CTGTGGGCAG TACATTTATG AGACTTATGG-AGACACTTGG
 5751 GAAGGAGTTA TGGCAATTAT AAGAATCTTA CAACAACTAC TGTTTACCCA
 5801 TTATAGAATT GGATGCCAAC ATAGTAGAAT AGGAATTCTC CCATCTAACA
 5851 CAAGAGGAAG AGGAAGAAGA AATGGATCCA GTAGATCCTG AGATGCCCCC
 5901 TTGGCATCAC CCTGGGAGCA AGCCCCAAAC CCCTTGTAAT AATTGCTATT
 5951 GCAAAAGATG CTGCTATCAT TGCTATGTTT GTTTCACAAA GAAGGGTTTG
 6001 GGAATCTCCC ATGGCAGGAA GAAGCGAAGA AGACCAGCAG CTGCTGCAAG
 6051 CTATCCAGAT AATAAAGATC CTGTACCAGA GCAGTAAGTA ACGCTGATGC
 6101 ATCAAGAGAA CCTGCTAGCC TTAATAGCTT TAAGTGCTTT GTGTCTTATA
 6151 AATGTACTTA TATGGTTGTT TAACCTTAGA ATTTATTTAG TGCAAAGAAA
 6201 ACAAGATAGA AGGGAGCAGG AAATACTTGA AAGATTAAGG AGAATAAAGG
 6251 AAATCAGGGA TGACAGTGAC TATGAAAGTA ATGAAGAAGA ACAACAGGAA
 6301 GTCATGGAGC TTATACATAG CCATGGCTTT GCTAATCCCA TGTTTGAGTT
 6351 ATAGTAAACA ATTGTATGCC ACAGTTTATT CTGGGGTACC TGTATGGGAA
 6401 GAGGCAGCAC CAGTACTATT CTGTGCTTCA GATGCTAACC TAACAAGCAC
 6451 TGAACAGCAT AATATTTGGG CATCACAAGC CTGCGTTCCT ACAGATCCCA
 6501 ATCCACATGA ATTTCCACTA GGCAATGTGA CAGATAACTT TGATATATGG
 6551 AAAAATTACA TGGTGGACCA AATGCATGAA GACATCATTA GTTTGTGGGA
 6601 ACAGAGTTTA AAGCCTTGTG AGAAAATGAC TTTCTTATGT GTACAAATGA

6651 ACTGTGTAGA TCTGCAAACA AATAAACAG GCCTATTAAA TGAGACAATA
 6701 AATGAGATGA GAAATTGTAG TTTTAATGTA ACTACAGTCC TCACAGACAA
 6751 AAAGGAGCAA AAACAGGCTC TATTCTATGT ATCAGATCTG AGTAAGGTTA
 6801 ATGACTCAAA TGCAGTAAAT GGAACAACAT ATATGTTAAC TAATTGTAAC
 6851 TCCACAATTA TCAAGCAGGC CTGTCCGAAG GTAAGTTTTG AGCCCATTCC
 6901 CATACTAT TGTGCTCCAA CAGGATATGC CATCTTTAAG TGTAATGACA
 6951 CAGACTTTAA TGGAACAGGC CTATGCCACA ATATTTTCAGT GGTTACTTGT
 7001 ACACATGGCA TCAAGCCAAC AGTAAGTACT CAACTAATAC TGAATGGGAC
 7051 ACTCTCTAGA GAAAAGATAA GAATTATGGG AAAAAATATT ACAGAATCAG
 7101 CAAAGAATAT CATAGTAACC CTAAACACTC CTATAAACAT GACCTGCATA
 7151 AGAGAAGGAA TTGCAGAGGT ACAAGATATA TATACAGGTC CAATGAGATG
 7201 GCGCAGTATG ACACTTAAAA GAAGTAACAA TACATCACCA AGATCAAGGG
 7251 TAGCTTATTG TACATATAAT AAGACTGTAT GGGAAAATGC CCTACAACAA
 7301 ACAGCTATAA GGTATTTAAA TCTTGTAAC CAAACAGAGA ATGTTACCAT
 7351 AATATTCAGC AGAACTAGTG GTGGAGATGC AGAAGTAAGC CATTTACATT
 7401 TTAAGTGTCA TGGAGAATTC TTTTATTGTA ACACATCTGG GATGTTTAAAC
 7451 TATACTTTTA TCAACTGTAC AAAGTCCGGA TGCCAGGAGA TCAAAGGGAG
 7501 CAATGAGACC AATAAAAATG GTACTATACC TTGCAAGTTA AGACAGCTAG
 7551 TAAGATCATG GATGAAGGGA GAGTCGAGAA TCTATGCACC TCCCATCCCC
 7601 GGCAACTTAA CATGTCATT CCAACATAACT GGAATGATT CACAGTTAGA
 7651 TCAACCATGG AATTCCACAG GTGAAAATAC ACTTAGACCA GTAGGGGGAG
 7701 ATATGAAAGA TATATGGAGA ACTAAATTGT ACAACTACAA AGTAGTACAG
 7751 ATAAAACCTT TTAGTGTAGC ACCTACAAAA ATGTCAAGAC CAATAATAAA
 7801 CATTACACACC CCTCACAGGG AAAAAAGAGC AGTAGGATTG GGAATGCTAT
 7851 TCTTGGGGGT GCTAAGTGCA GCAGGTAGCA CTATGGGCGC AGCGGCAACA
 7901 GCGCTGACGG TACGGACCCA CAGTGTACTG AAGGGTATAG TGCAACAGCA
 7951 GGACAACCTG CTGAGAGCGA TACAGGCCCA GCAACACTTG CTGAGGTTAT

8001 CTGTATGGGG TATTAGACAA CTCCGAGCTC GCCTGCAAGC CTTAGAAACC
 8051 CTTATACAGA ATCAGCAACG CCTAAACCTA TGGGGCTGTA AAGGAAAACCT
 8101 AATCTGTTAC ACATCAGTAA AATGGAACAC ATCATGGTCA GGAAGATATA
 8151 ATGATGACAG TATTTGGGAC AACCTTACAT GGCAGCAATG GGACCAACAC
 8201 ATAAACAATG TAAGCTCCAT TATATATGAT GAAATACAAG CAGCACAAGA
 8251 CCAACAGGAA AAGAATGTAA AAGCATTGTT GGAGCTAGAT GAATGGGCCT
 8301 CTCTTTGGAA TTGGTTTGAC ATAACTAAAT GGTGTGGTA TATAAAAATA
 8351 GCTATAATCA TAGTGGGAGC ACTAATAGGT ATAAGAGTTA TTATGATAAT
 8401 ACTTAATCTA GTGAAGAACA TTAGGCAGGG ATATCAACCC CTCTCGTTGC
 8451 AGATCCCTGT CCCACACCGG CAGGAAGCAG AAACGCCAGG AAGAACAGGA
 8501 GAAGAAGGTG GAGAAGGAGA CAGGCCCAAG TGGACAGCCT TGCCACCAGG
 8551 ATTCTTGCAA CAGTTGTACA CGGATCTCAG GACAATAATC TTGTGGACTT
 8601 ACCACCTCTT GAGCAACTTA ATATCAGGGA TCCGGAGGCT GATCGACTAC
 8651 CTGGGACTGG GACTGTGGAT CCTGGGACAA AAGACAATTG AAGCTTGTAG
 8701 ACTTTGTGGA GCTGTAATGC AATATTGGCT ACAAGAATTG AAAAATAGTG
 8751 CTACAAACCT GCTTGATACT ATTGCAGTGT CAGTTGCCAA TTGGACTGAC
 8801 GGCATCATCT TAGGTCTACA AAGAATAGGA CAAGGATTCC TTCACATCCC
 8851 AAGAAGAATT AGACAAGGTG CAGAAAGAAT CTTAGTGTA CATGGGGAAT
 8901 GCATGGAGCA AAAGCAAATT TGCAGGATGG TCAGAAGTAA GAGATAGAAT
 8951 GAGACGATCC TCCTCTGATC CTCAACAACC ATGTGCACCT GGAGTAGGAG
 9001 CTGTCTCCAG GGAGTTAGCA ACTAGAGGGG GAATATCAAG TTCCCACT
 9051 CCTCAAAACA ATGCAGCCCT TGCATTCTTA GACAGCCACA AAGATGAGGA
 9101 TGTAGGCTTC CCAGTAAGAC CTCAAGTGCC TCTAAGGCCA ATGACCTTTA
 9151 AAGCAGCCTT TGACCTCAGC TTCTTTTTAA AAGAAAAGGG AGGACTGGAT
 9201 GGGTTAATTT ACTCCATAA GAGAGCAGAA ATCCTGGATC TCTGGATATA
 9251 TCACACTCAG GGATTCTTCC CTGATTGGCA GTGTTACACA CCGGGACCAG
 9301 GACCTAGATT CCCACTGACA TTTGGATGGT TGTTTAACT GGTACCAGTG

9351 TCAGCAGAAG AGGCAGAGAG ACTGGGTAAT ACAAATGAAG ATGCTAGTCT
9401 TCTACATCCA GCTTGTAATC ATGGAGCTGA GGATGCACAC GGGGAGATAC
9451 TAAAATGGCA GTTTGATAGA TCATTAGGCT TAACACATAT AGCCCTGCAA
9501 AAGCACCCAG AGCTCTTCCC CAAGTAACTG ACACTGCGGG ACTTTCCAGA
9551 CTGCTGACAC TCGGGGGACT TTCCAGCGTG GGAGGGATAA GGGGCGGTTC
9601 GGGGAGTGGC TAACCCTCAG ATGCTGCATA TAAGCAGCTG CTTCCGCTT
9651 GTACCGGGTC TTAGTTAGAG GACCAGGTCT GAGCCCGGGA GCTCCCTGGC
9701 CTCTAGCTGA ACCCGCTGCT TAACGCTCAA TAAAGCTTGC CTTGAGTGAG
9751 AAGCAGTGTG TGCTCATCTG TTCAACCCTG GTGTCTAGAG ATC

Figur 5: PCR Amplifizierungs-, Klonierungs- und Sequenzierungsstrategie;

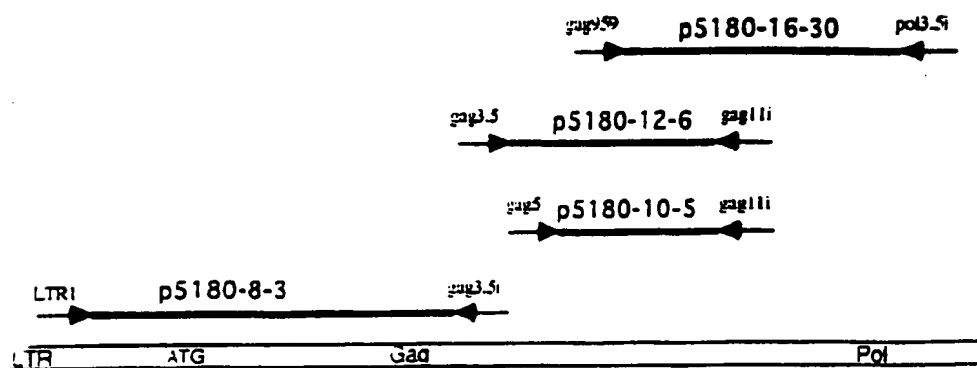


Fig. 6: obere Zeile entspricht Abb. 4, untere Zeile mit PCR-Technik ermittelt (Sequ. No. 57, 58)

MvP5180	685	AAACCTCCGACGCAACGGGCTCGGCTTAGCGGAGTGACCTGCTAAGAGG	734
	1	aaacctccaacgcaacgggctcggcttagcggagtgcacctgctaagagg	50
	735	CGAGAGGAACTCACAAGAGGGTGAGTAAATTTGCTGGCGGTGGCCAGACC	784
	51	cgagaggaactcacaagagggtagtaaatctgctggcgggtggccagacc	100
	785	TAGGGGAAGGGCGAAGTCCCTAGGGGAGGAAGATGGGTGCGAGAGCGTCT	834
	101	taggggaagggcgaagtccttaggggaggaagatgggtgcgagacggtct	150
	835	GTGTTGACAGGGAGTAAATTGGATGCATGGGAACGAATTAGGTTAAGGCC	884
	151	gtgttgacagggagttaaattggatgcatgggaacgaattaggttaaggcc	200
	885	AGGATCTAAAAAGGCATATAGGCTAAAACATTTAGTATGGGCAAGCAGGG	934
	201	aggatctaaaaaggcataataggctaaaacatttagtatgggcaagcaggg	250
	935	AGCTGGAAAGATACGCATGTAATCCTGGTCTATTAGAACTGCAGAAGGT	984
	251	agctggaaagatacgcatataatcctggtctactagaaactgcagaaggt	300
	985	ACTGAGCAACTGCTACAGCAGTTAGAGCCAGCTCTCAAGACAGGGTCAGA	1034
	301	actgaacaactgctacagcagttagagccagctctcaagacagggtcaga	350
	1035	GGACCTGAAATCTCTCTGGAACGCAATAGCAGTACTCTGGTGCCTTCACA	1084
	351	ggacctgaaatccctctggaacgcaatagcagtactctggtgcgttcaca	400
	1085	ACAGATTTGACATCCGAGATACACAGCAGGCAATACAAAAGTTAAAGGAA	1134
	401	acagatttgacatccgagatacacagcaggcaatacaaaagttaaggaa	450
	1135	GTAATGGCAAGCAGGAAGTCTGCAGAGGCCGCTAAGGAAGAAACAAGCCC	1184
	451	gtaatggcaagcaggaagctgcagaggccgctaaggaagaaacaagctc	500

1185 TAGGCAGACAAGTCAAAATTACCCTATAGTAACAAATGCACAGGGACAAA 1234
 |||||
 501 aaggcaggcaagtcaaaattaccctatagtaacaaatgcacagggacaaa 550
 |||||

1235 TGGTACATCAAGCCATCTCCCCAGGACTTTAAATGCATGGGTAAAGGCA 1284
 |||||
 551 tggtacatcaagccatatcccctaggactttaaatgcatgggtaaaggca 600
 |||||

1285 GTAGAAGAGAAGGCCTTTAACCCCTGAAATTATTCCTATGTTTATGGCATT 1334
 |||||
 601 gtagaagaaaaggcctttaaccctgaaattattcctatgtttatggcatt 650
 |||||

1335 ATCAGAAGGGGCTGTCCCCTATGATATCAATACCATGCTGAATGCCATAG 1384
 |||||
 651 atcagaaggggctgtcccctatgatatcaataccatgctgaatgccatag 700
 |||||

1385 GGGGACACCAAGGGGCTTTACAAGTGTTGAAGGAAGTAATCAATGAGGAA 1434
 |||||
 701 ggggacaccaaggggctttacaagtgttgaaggaagtaatcaatgaggaa 750
 |||||

1435 GCAGCAGAATGGGATAGAACTCATCCACCAGCAATGGGGCCGTTACCACC 1484
 |||||
 751 gcagcagattgggatagaactcatccaccagcaatggggccgttaccacc 800
 |||||

1485 AGGGCAGATAAGGGAACCAACAGGAAGTGACATTGCTGGAACAACCTAGCA 1534
 |||||
 801 agggcagataaggggaaccaacaggaagtgcattgctggaacaactagca 850
 |||||

1535 CACAGCAAGAGCAAATTATATGGACTACTAGAGGGGCTAACTCTATCCCA 1584
 |||||
 851 cacagcaagagcaaattatatggactactagaggggctaactctatccca 900
 |||||

1585 GTAGGAGACATCTATAGAAAATGGATAGTGCTAGGACTAAACAAAATGGT 1634
 |||||
 901 gtaggagacatctatagaaaatggatagtgttaggactaaacaaaatggt 950
 |||||

1635 AAAAATGTACAGTCCAGTGAGCATCTTAGATATTAGGCAGGGACCAAAAG 1684
 |||||
 951 aaaaatgtacagtccagtgcagcatcttagatattaggcagggaccaaaag 1000
 |||||

1685	AACCATTCAAGAGATTATGTAGATCGGTTTTACAAAACATTAAGAGCTGAG	1734
1001	aaccattcagagattatgtagatcgggttttacaaaacattaagagctgag	1050
1735	CAAGCTACTCAAGAAGTAAAGAATTGGATGACAGAAACCTTGCTTGTTCA	1784
1051	caagctactcaagaagtaaagaattggatgacagaaaccctcggtgttca	1100
1785	GAATTCAAACCCAGATTGTAAACAAATTCTGAAAGCATTAGGACCAGAAG	1834
1101	gaattcaaaccagattgtaaacaaattctgaaagcattaggaccaggag	1150
1835	CTACTTTAGAAAGAAATGATGGTAGCCTGTCAAGGAGTAGGAGGGCCAACT	1884
1151	ctactttagaagaaatgatggtagcctgtcaaggagtaggagggccaact	1200
1885	CACAAGGCCAAAAATACTAGCAGAAGCAATGGCTTCTGCCCAGCAAGATTT	1934
1201	cacaaggcaaaaatactagcagaagcaatggcttctgccagcaagattt	1250
1935	AAAAGGAGGATACACAGCAGTATTTCATGCAAAGAGGGCAGAATCCAAATA	1984
1251	aaaggaggatcacagcagtatttcatgcaaagagggcagaatccaaata	1300
1985	GAAAAGGGCCCATAAAAATGCTTCAATTGTGAAAAGAGGGACATATAGCA	2034
1301	gaaaagggcctataaaatgtttcaattgtggaaaagaggacatatagca	1350
2035	AAAACTGTCGAGCACCTAGAAAAAGGGGTTGCTGGAAATGTGGACAGGA	2084
1351	aaaaactgtcgagcacctagaagaaggggttactggaaatgtggacagga	1400
2085	AGGTCACCAAATGAAAGATTGCAAAAATGGAAGACAGGCAAATTTTTTAG	2134
1401	aggtcaccaaataaaagattgcaaaaatggaagacaggctatTTTTTAG	1450
2135	GGAAGTACTGGCCTCCGGGGGGCACGAGGCCAGGCAATTATGTGCAGAAA	2184
1451	ggaagtactggcctccggggggcacgaggccagccaattatgtgcagaaa	1500

2185	CAAGTGTCCCATCAGCCCCACCAATGGAGGAGGCAGTGAAGGAACAAGA	2234
1501	caagtgtcccatcagccccaccaatggaggaggcagtgaaggaacaaga	1550
2235	GAATCAGAGTCAGAAGGGGGATCAGGAAGAGCTGTACCCATTGCGCTCCC	2284
1551	gaatcagaatcaaaagggggatcaggaagagctgtaccatttgcctccc	1600
2285	TCAAATCCCTCTTTGGGACAGACCAATAGTCACAGCAAAGGTTGGGGGTC	2334
1601	tcaaatccctctttgggacagaccaatagtcacagcaaagggtggggggc	1650
2335	ATCTATGTGAGGCTTTACTGGATACAGGGGCAGATGATACAGTATTAAAT	2384
1651	atctatgtgaggctttactggatacaggggcagatgatacagtattaaat	1700
2385	AACATACAATTAGAAGGAAGATGGACACCAAAA	2417
1701	aacatacaattagaaggaagatggacacccaaa	1733

Fig. 7: Vergleich des gag-Proteins, einmal gemäß A227 (jeweils oben) und einmal mit PCR-Technik (jeweils unten) ermittelt (Sequ. ID No. 56, 60)

MGARASVLTGSKLDAWERIRLRPGSKKAYRLKHLVWASRELERIYACNPGL
 |||||:|||||
 MGARRSVLTGSKLDAWERIRLRPGSKKAYRLKHLVWASRELERIYAYNPGL

LETAEGTEQLLQOLEPALKTGSEDLKSLWNAIAVLWCVHNRFDIRDTQQA
 |||||:|||||
 LETAEGTEQLLQOLEPALKTGSEDLKSLWNAIAVLWCVHNRFDIRDTQQA

IQKLKEVMASRKSAEAAKEETSPRQTSQNYPIVTNAQQGMVHQAI SPRTL
 |||||:|||||
 IQKLKEVMASRKSAEAAKEETSSSTQASQNYPIVTNAQQGMVHQAI SPRTL

NAWVKAVEEKAFNPEIIPMFMALEGAVPYDINTMLNAIGGHQ GALQVLK
 |||||:|||||
 NAWVKAVEEKAFNPEIIPMFMALEGAVPYDINTMLNAIGGHQ GALQVLK

EVINEEAAEWDRTHPPAMGPLPPGQIREPTGSDIAGTTSTQQEQI IWTR
 |||||:|||||
 EVINEEAAWDRTHPPAMGPLPPGQIREPTGSDIAGTTSTQQEQI IWTR

GANSIPVGD IYRKWIVLGLNKMVKMYS PVSILDIRQGPKEPFRDYVDRFY
 |||||:|||||
 GANSIPVGD IYRKWIVLGLNKMVKMYS PVSILDIRQGPKEPFRDYVDRFY

KTLRAEQATQEVKNWMTETLLVQNSNPDCQILKALGPEATLEEMMVACQ
 |||||:|||||
 KTLRAEQATQEVKNWMTETLVVQNSNPDCQILKALGPGATLEEMMVACQ

GVGGPTHKAKILAEAMASAQQDLKGGYTAVFMQRGQNP NRKGPIKCFNCG
 |||||:|||||
 GVGGPTHKAKILAEAMASAQQDLKGGYTAVFMQRGQNP NRKGPIKCFNCG

KEGHIAKNCRAPRKRGCWKCGQEGHQM KDCKNRQANFLGKYWPPGGTRP
 |||||:|||||
 KEGHIAKNCRAPRRRGYWKCGQEGHQM KDCKNRQANFLGKYWPPGGTRP

GNYVQKQVSPSAPPMEEAVKEQENQSQKGDQEELYPFASLKS LFGTDQ
 |||||:|||||
 ANYVQKQVSPSAPPMEEAVKEQENQNQKGDQEELYPFASLKS LFGTDQ

THIS PAGE BLANK (USPTO)